

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46375
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00722		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)		
(30) Prioritätsdaten: 198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) DE		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).		
(72) Erfinder; und		
(75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/I, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönenfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		

BEST AVAILABLE COPY

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genetische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 5 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genetischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme 10 ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 15 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

20 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 25 58-64 und 217-247,

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

30 oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

10 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

15 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

20 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

35 Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

40 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

45 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als

5 Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.

10 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

15 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

20 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf 25 Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für 30 den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5 ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10 Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15 N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20	

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35 Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40 Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northernn.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals 15 bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

20 Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend 25 bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

35 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

40 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und 45 Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5 **Beispiel 2**

**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen
cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

- 10 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

15 **2.1 Elektronischer Northern-Blot**

- Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J.,
20 Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten
25 dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostata Gewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
20	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
25	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
30	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
35	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS %Haeufigkeit				
45	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefæsse	0.0041			
50	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostata Gewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
10	Blase 0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
15	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
20	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
35	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

40	FOETUS %Haeufigkeit	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
45	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0124		
50	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

55	Brust 0.0272	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
65	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064
	Gastricintestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754
	Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
	Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
25	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0093			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

40

	FOETUS %Haeufigkeit
45	Entwicklung 0.0307
	Gastrointestinal 0.0123
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0118
	Herz-Blutgefaesse 0.0082
	Lunge 0.0000
50	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
60	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
65	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostata Gewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von *thaliana* von *Caenorhabditis elegans*.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastricintestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Darm	0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0009			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefäße	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
60	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
10	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Brust 0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiserhoehe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0000			
35	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
40	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
45	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0037			
50	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0137			
60	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	- Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0078			
65	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0123
45	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0123
	Lunge 0.0148
	Niere 0.0062
50	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0272
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0245
60	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0418	0.0383	1.0911 0.9165
	Brust 0.0267	0.0218	1.2232 0.8176
	Eierstock 0.0122	0.0052	2.3372 0.4279
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal 0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
	Gehirn 0.0093	0.0142	0.6550 1.5267
	Haematopoetisch 0.0224	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0847	0.1175 8.5131
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge 0.0137	0.0071	1.9313 0.5178
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8399 1.1905
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0076	0.0110	0.6857 1.4584
	Penis 0.0269	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0143	0.0021	6.7118 0.1490
	Uterus 0.0463	0.0356	1.2997 0.7694
30	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0312		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0353		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0174		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0123	
	Gehirn 0.0125	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0370	
	Niere 0.0124	
	Prostata 0.0748	
	Sinnesorgane 0.0000	
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust 0.1156	
50	Eierstock-Uterus 0.0525	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0082	
	Gastrointestinal 0.0366	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0194	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0151	
	Prostata 0.0385	
	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0027	4.0187 0.2488
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0068	0.0077	0.8847 1.1303
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
15	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0043	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0082
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0068
50	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0156
55	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548 6.4591
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0279		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0137		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0134		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0518		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0060		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust 0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal 0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
	Gehirn 0.0068	0.0066	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0100	0.0024	4.2137 0.2373
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0170	0.0055	3.0855 0.3241
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus 0.0017	0.0142	0.1160 8.6176
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0096		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0123		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0204		
	Eierstock-Uterus 0.0205		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0070		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust 0.0107	0.0131	0.8154 1.2263
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0097	0.0143	0.6786 1.4737
	Gehirn 0.0170	0.0088	1.9353 0.5167
	Haematopoetisch 0.0098	0.0378	0.2587 3.8650
	Haut 0.0298	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0159	0.0137	1.1561 0.8650
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0112	0.0142	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere 0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
	Pankreas 0.0038	0.0387	0.0980 10.2089
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0096		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0039
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0148
	Niere 0.0185
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0068
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0057
55	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0492
	Nerven 0.0161
	Prostata 0.0192
60	Sinnesorgane 0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0120	0.0109	1.1008 0.9084
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0136	1.0716 0.9331
	Gastrointestinal 0.0155	0.0143	1.0857 0.9211
	Gehirn 0.0136	0.0142	0.9527 1.0496
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0170	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0112	0.0095	1.1851 0.8438
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere 0.0119	0.0068	1.7366 0.5758
25	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0143	0.0064	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
30	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0164		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0291		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0191		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0155		

60

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0232	0.0026	9.0924 0.1100
	Brust 0.0187	0.0087	2.1405 0.4672
	Eierstock 0.0122	0.0156	0.7791 1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0219	0.0136	1.6075 0.6221
	Gastrointestinal 0.0116	0.0190	0.6107 1.6375
	Gehirn 0.0119	0.0142	0.8337 1.1995
	Haematopoetisch 0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0159	0.0137	1.1561 0.8650
15	Hoden 0.0122	0.0351	0.3482 2.8716
	Lunge 0.0187	0.0378	0.4938 2.0251
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3150 3.1748
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0120	0.8565 1.1675
	Niere 0.0238	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739 1.4840
	Prostata 0.0214	0.0085	2.5169 0.3973
	Uterus 0.0132	0.0285	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0291		
	Duenndarm 0.0156		
	Prostata-Hyperplasie 0.0268		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0131		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointestinal 0.0247		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0236		
	Herz-Blutgefaesse 0.0286		
40	Lunge 0.0111		
	Niere 0.0371		
	Prostata 0.0997		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0312		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0050		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0011	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
20	Pankreas 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0156		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0130		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275 0.7005
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000 undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218		
25	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0060		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
45	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0012	
55	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0078	
	Lunge 0.0000	
60	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0192	
	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0085	0.0219	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0182	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0267			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
45	
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock-Uterus 0.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0047
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
60	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkei	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust 0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0010
60	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0387

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0093 Brust 0.0080 Eierstock 0.0091 Endokrines_Gewebe 0.0000 Gastrointestinal 0.0039 Gehirn 0.0042 Haematopoetisch 0.0070 Haut 0.0050 Hepatisch 0.0000 Herz 0.0032 Hoden 0.0000 Lunge 0.0037 Magen-Speiseroehre 0.0000 Muskel-Skelett 0.0051 Niere 0.0089 Pankreas 0.0019 Penis 0.0030 Prostata 0.0119 Uterus 0.0099	0.0128 0.0065 0.0000 0.0000 0.0000 0.0044 0.0000 0.0000 0.0065 0.0137 0.0000 0.0118 0.0153 0.0000 0.0000 0.0055 0.0000 0.0064 0.0000	0.7274 1.2232 undef undef undef 0.9676 undef undef 0.0000 0.2312 undef 0.3160 0.0000 undef undef 0.3428 undef 1.8644 undef	1.3748 0.8176 0.0000 undef 0.0000 1.0335 0.0000 0.0000 undef 4.3248 undef 3.1643 undef 0.0000 0.0000 2.9168 0.0000 0.5364 0.0000
10				
15				
20				
25				
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0062 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0157 Herz-Blutgefaesse 0.0082 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000
40	
45	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0047 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haut-Muskel 0.0000 Hoden 0.0000 Lunge 0.0000 Nerven 0.0000 Prostata 0.0192 Sinnesorgane 0.0155
55	
60	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
		Brust 0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
		Eierstock 0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9993	1.0007
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
25	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0247			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0245			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0247			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0123
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0027	4.0187	0.2488
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0068	0.0011	6.1928	0.1615
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
45	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0183
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0000
60	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
45	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
60	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef 0.000
	Brust 0.0040	0.0000	undef	0.000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			

FOETUS
%Haeufigkeit

35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

45 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0192
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

FOETUS %Haeufigkeit

35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

45

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0137
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0141
60	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0095	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
45	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
55	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
60	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
		Brust 0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
		Eierstock 0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35					
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45					
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50					
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0468			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust 0.0013	0.0022	0.6116 1.6351
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0077	0.5529 1.8085
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0025	0.0047	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0093	0.0065	1.4270 0.7008
	Eierstock 0.0091	0.0130	0.7012 1.4262
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0190	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3854 2.5949
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
25	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0154		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
	Lunge 0.0074		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0297		
50	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0082		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0156		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0080		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock 0.0091	0.0026	3.5059 0.2852
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0248	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0032	0.0137	0.2312 4.3248
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0261	0.0095	2.7652 0.3616
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0297	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0143	0.0064	2.2373 0.4470
25	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duend darm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0031	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0046	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	- Foetal 0.0029	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
55	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0246	
	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
10	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0050	0.0356	0.1393	7.1813
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
20	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
30				
35				
40				
45				
50				
55				
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 39

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0325	0.0332	0.9792 1.0213
	Brust	0.0293	0.0196	1.4950 0.6689
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451 1.5502
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0636	0.1649	0.3854 2.5949
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792 0.7818
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841 0.4378
	Niere	0.0208	0.0137	1.5196 0.6581
20	Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142 0.5834
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0218		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0588		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1045		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointestinal	0.0123		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0148		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0114		
50	Endokrines_Gewebe	0.1224		
	Foetal	0.0122		
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0291		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0385		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	FOETUS %Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal 0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
--	------------------------

35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
----	---

50	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0256
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0372	0.0230	1.6164 0.6186
	Brust 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0122	0.0130	0.9349 1.0696
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0300	0.4262 2.3462
	Gastrointestinal 0.0271	0.0333	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0059	0.0471	0.1260 7.9354
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0259	0.1913 5.2277
	Herz 0.0201	0.0137	1.4644 0.6829
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0274	0.0189	1.4485 0.6904
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
	Pankreas 0.0076	0.0166	0.4571 2.1876
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0333	0.0106	3.1322 0.3193
	Uterus 0.0215	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0280		
	Prostata-Hyperplasie 0.0357		
	Samenblase 0.0890		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0031	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0222	
	Niere 0.0309	
	Prostata 0.0249	
45	Sinnesorgane 0.0000	
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	

50	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0183
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0227
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0256
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0122	0.0234	0.5194 1.9254
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
10	Gastrointestinal 0.0116	0.0095	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0051	0.0164	0.3096 3.2295
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0075	0.0095	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
20	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus 0.0083	0.0071	1.1604 0.8618
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0154		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0117		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0110		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293 3.0366
	Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059 0.2852
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0495	0.0065	7.6515 0.1307
	Herz	0.0074	0.0137	0.5395 1.8535
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985 0.5004
	Niere	0.0238	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513 0.5402
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0333	0.0149	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.1028		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183		
	FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0462		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0197		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0160		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0122		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0324		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0256		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 51

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0465	0.0741	0.6271 1.5947
	Brust	0.0386	0.0501	0.7711 1.2968
	Eierstock	0.0334	0.0546	0.6121 1.6336
10	Endokrines_Gewebe	0.0310	0.0300	1.0351 0.9661
	Gastrointestinal	0.0252	0.0190	1.3232 0.7558
	Gehirn	0.0458	0.0701	0.6532 1.5310
15	Haematopoetisch	0.0112	0.1135	0.0986 10.1456
	Haut	0.0448	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0347	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.1123	0.1375	0.8170 1.2240
20	Hoden	0.0366	0.0468	0.7835 1.2763
	Lunge	0.0535	0.0449	1.1920 0.8389
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett	0.0685	0.1860	0.3684 2.7145
	Niere	0.0119	0.0890	0.1336 7.4857
25	Pankreas	0.0151	0.0828	0.1828 5.4691
	Penis	0.1018	0.0533	1.9092 0.5238
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101 0.3831
	Uterus	0.0545	0.2634	0.2070 4.8311
30	Brust-Hyperplasie	0.0981		
	Duenndarm	0.0312		
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.1383		
	Gastrointenstinal	0.0924		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0393		
	Herz-Blutgefaesse	0.0654		
40	Lunge	0.0592		
	Niere	0.0309		
	Prostata	0.2992		
	Sinnesorgane	0.0279		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0099		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0171		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0387		
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0013	0.0022	0.6116 1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860 11.6263
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932 0.1788
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0114		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53:

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0044	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
25	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0037		
40	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608 0.6846
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745 0.5972
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545 0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141 4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714 5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0123		
	Gehirn	0.0250		
	Haematopoetisch	0.0275		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0558		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0310		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0153	0.6062 1.6497
	Brust 0.0053	0.0065	0.8154 1.2263
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0054	1.0047 0.9954
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
10	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge 0.0100	0.0095	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
20	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duendarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
40	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 58

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
5		Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
		Brust 0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
		Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0895	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0082			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
5		Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
		Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
		Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

FOETUS
%Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	- Foetal	0.0000
55	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674 5.9721
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714 5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0037		
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0192		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust 0.0133	0.0022	6.1158 0.1635
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0245	0.0000 undef
10	Gastrointestinal 0.0078	0.0190	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0119	0.0022	5.4187 0.1845
	Haematopoetisch 0.0070	0.0757	0.0924 10.8219
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0074	0.0275	0.2698 3.7070
15	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0050	0.0118	0.4214 2.3732
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
20	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0191	0.0043	4.4745 0.2235
	Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0309		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0183		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0140		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0161		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0155		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5		Blase 0.0186	0.0844	0.2204 4.5368
		Brust 0.0560	0.0370	1.5110 0.6618
		Eierstock 0.0395	0.0260	1.5192 0.6582
10		Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0245	0.5209 1.9196
		Gastrointestinal 0.0775	0.0857	0.9047 1.1053
		Gehirn 0.0254	0.0350	0.7257 1.3779
		Haematopoetisch 0.0364	0.0378	0.9610 1.0406
		Haut 0.2188	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch 0.0198	0.0582	0.3401 2.9406
		Herz 0.1112	0.1787	0.6225 1.6064
15		Hoden 0.0183	0.0117	1.5671 0.6381
		Lunge 0.1133	0.0804	1.4097 0.7094
		Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0307	2.2049 0.4535
		Muskel-Skelett 0.1696	0.0300	5.6530 0.1769
		Niere 0.0684	0.0753	0.9078 1.1016
20		Pankreas 0.0151	0.0607	0.2493 4.0107
		Penis 0.0749	0.1066	0.7019 1.4246
		Prostata 0.0715	0.0106	6.7118 0.1490
		Uterus 0.0611	0.0214	2.8624 0.3494
		Brust-Hyperplasie 0.0254		
25		Duendarm 0.0997		
		Prostata-Hyperplasie 0.0386		
		Samenblase 0.0445		
		Sinnesorgane 0.0941		
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0670		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35		Entwicklung 0.0615		
		Gastrointestinal 0.0154		
		Gehirn 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0079		
		Herz-Blutgefaesse 0.0041		
		Lunge 0.0074		
40		Niere 0.0185		
		Prostata 0.0499		
		Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
		Brust 0.0408		
		Eierstock-Uterus 0.0114		
50		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0338		
		Gastrointestinal 0.1098		
		Haematopoetisch 0.0114		
		Haut-Muskel 0.0421		
		Hoden 0.0312		
55		Lunge 0.2786		
		Nerven 0.0080		
		Prostata 0.0192		
		Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0153	0.6062 1.6497
	Brust 0.0160	0.0174	0.9174 1.0901
	Eierstock 0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
10	Endokrines_Gewebe 0.0201	0.0109	1.8419 0.5429
	Gastrointestinal 0.0194	0.0333	0.5816 1.7193
	Gehirn 0.0076	0.0219	0.3483 2.8707
	Haematopoetisch 0.0182	0.0378	0.4805 2.0811
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0099	0.0323	0.3061 3.2673
	Herz 0.0148	0.0275	0.5395 1.8535
	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0174	0.0118	1.4748 0.6781
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0307	0.9449 1.0583
20	Muskel-Skelett 0.0154	0.0120	1.2848 0.7783
	Niere 0.0416	0.0068	6.0782 0.1645
	Pankreas 0.0170	0.0110	1.5428 0.6482
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata 0.0191	0.0085	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0149	0.0142	1.0444 0.9575
25	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0187		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0183		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0307
	Gastrointestinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0393
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0074
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0476	
50	Eierstock-Uterus 0.0571	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0175	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0114	
55	Haut-Muskel 0.0291	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0310	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 217

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	B_Lymphom Blase Brust Dickdarm Duenndarm	0.0100 0.0039 0.0053 0.0153 0.0027	0.0136 0.0094 0.0028 0.0028 0.0000	0.7358 1.3590 0.4149 2.4102 1.8786 0.5323 5.3823 0.1858 undef 0.0000
10	Eierstock Endokrines_Gewebe Gehirn Haut Hepatisch	0.0030 0.0032 0.0072 0.0037 0.0046	0.0000 0.0114 0.0060 0.0000 0.0127	undef 0.0000 0.2826 3.5381 1.2090 0.8271 undef 0.0000 0.3662 2.7307
15	Herz Hoden Lunge Magen-Speiser. Muskel-Skelett	0.0071 0.0080 0.0107 0.0000 0.0086	0.0137 0.0059 0.0037 0.0064 0.0000	0.5169 1.9348 1.3570 0.7369 2.8941 0.3455 0.0000 undef undef 0.0000
20	Niere Pankreas Prostata T_Lymphom Uterus	0.0045 0.0116 0.0038 0.0025 0.0031	0.0048 0.0055 0.0013 0.0075 0.0092	0.9284 1.0771 2.0940 0.4776 2.8940 0.3455 0.3381 2.9576 0.3368 2.9694
25	Weisse_Blutkoerper. Haematopoetisch Penis Samenblase Sinnesorgane	0.0089 0.0067 0.0054 0.0000 0.0000	0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	undef 0.0000 0.3368 2.9694 0.3368 2.9694 0.3368 2.9694 0.3368 2.9694
30				

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0046
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden_n 0.0167
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0070
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0203
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638 1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784 1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456 0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306 0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295 1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156 0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586 0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552 0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570 0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909 0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Muskel_Skelett	0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136 0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748 13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705 0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525 0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735 1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156 3.1685
	Haematopoetisch	0.0094		
	Penis	0.0134		
	Samenblase	0.0352		
	Sinnesorgane	0.0000		
30				

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0182
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0513
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0586
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0161
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0077
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0185	0.0211	0.8767 1.1406
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378 0.6503
10	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865 2.5875
	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0305	0.0266	1.1468 0.8720
	Gehirn	0.0393	0.0189	2.0767 0.4815
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0447	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571 0.7369
	Lunge	0.0282	0.0240	1.1739 0.8519
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0074	2.0875 0.4790
	Niere	0.0269	0.0193	1.3927 0.7180
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494 0.3637
25	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630 3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703 0.3891
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0188		
	Samenblase	0.0281		
	Sinnesorgane	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0167
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0356
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0311
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0310
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0088	0.0070	1.2524 0.7985
	Dickdarm 0.0153	0.0085	1.7941 0.5574
	Duenndarm 0.0192	0.0213	0.9018 1.1089
10	Eierstock 0.0059	0.0262	0.2262 4.4200
	Endokrines_Gewebe 0.0337	0.0142	2.3766 0.4208
	Gehirn 0.0156	0.0070	2.2381 0.4468
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
15	Herz 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0161	0.0059	2.7142 0.3684
	Lunge 0.0185	0.0111	1.6663 0.6001
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
20	Niere 0.0157	0.0048	3.2497 0.3077
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Prostata 0.0160	0.0065	2.4600 0.4065
	T_Lymphom 0.0152	0.0299	0.5072 1.9717
	Uterus 0.0089	0.0046	1.9277 0.5188
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0164	0.0304	0.5410 1.8483
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0141		
	Sinnesorgane 0.0118		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0178
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0182
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden_n 0.0084
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0195
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0090
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0047	1.6595 0.6026
	Brust 0.0079	0.0056	1.4090 0.7097
	Dickdarm 0.0057	0.0085	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0030	0.0143	0.2074 4.8219
	Endokrines_Gewebe 0.0112	0.0106	1.0563 0.9467
	Gehirn 0.0052	0.0040	1.3056 0.7659
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0117	0.0129	0.9021 1.1085
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0074	1.1597 0.8623
20	Niere 0.0179	0.0048	3.7139 0.2693
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0113	0.0065	1.7364 0.5759
	T_Lymphom 0.0000	0.0149	0.0000 undef
	Uterus 0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0075	0.0304	0.2480 4.0326
	Haematopoetisch 0.0067		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0242
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0195
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0050
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0774
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0351	0.0047	7.4677 0.1339
	Brust 0.0070	0.0014	5.0097 0.1996
	Dickdarm 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0035	0.4527 2.2091
	Gehirn 0.0017	0.0060	0.2901 3.4467
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz 0.0020	0.0137	0.1477 6.7715
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0075	0.0026	2.8941 0.3455
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0185
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0273	0.0117	2.3233 0.4304
	Brust 0.0150	0.0098	1.5208 0.6576
	Dickdarm 0.0077	0.0028	2.6911 0.3716
	Duenndarm 0.0110	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0089	0.0024	3.7330 0.2679
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0053	0.3018 3.3136
	Gehirn 0.0069	0.0100	0.6963 1.4361
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz 0.0081	0.0137	0.5907 1.6929
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0068	0.0111	0.6139 1.6289
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0128	0.5668 1.7644
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0037	2.3194 0.4311
20	Niere 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8975 1.1142
	Prostata 0.0141	0.0169	0.8348 1.1978
	T_Lymphom 0.0202	0.0075	2.7049 0.3697
	Uterus 0.0177	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0187		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0281		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0046
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0155
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0018	0.0112	0.1566 6.3876
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092 0.9909
10	Duenddarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0143	0.4148 2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835 2.0680
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212 0.4308
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Prostata	0.0066	0.0065	1.0129 0.9872
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
45	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0030		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n	0.0243		
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0136	0.5519 1.8120
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393 1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296 1.2055
	Endokrines Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589 0.1004
	Gehirn	0.0075	0.0050	1.5087 0.6628
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0088	0.0111	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639 2.1557
	Niere	0.0090	0.0048	1.8570 0.5385
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Prostata	0.0113	0.0013	8.6822 0.1152
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
	Weisse Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0111		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
40	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0182		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		NORMALE
50	%Haeufi	0.0068
	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0127
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
60	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
65	Weisse Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0056	0.9393 1.0646
	Dickdarm 0.0057	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0053	0.3018 3.3136
	Gehirn 0.0035	0.0020	1.7408 0.5745
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000 undef
	Lunge 0.0019	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.1595	
55	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0046	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0070	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0023	
	Prostata_n 0.0182	
	Sinnesorgane 0.0077	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0094	0.0000 undef
	Brust 0.0025	0.0089	0.2799 3.5727
	Dickdarm 0.0057	0.0228	0.2523 3.9638
	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0059	0.0095	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0096	0.0033	2.9275 0.3416
	Gehirn 0.0134	0.0050	2.6904 0.3717
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
	Herz 0.0081	0.0137	0.5907 1.6928
	Hoden 0.0161	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0049	0.0037	1.3158 0.7600
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0165	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0074	0.0000 undef
	Niere 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0092	0.3604 2.7748
	Prostata 0.0113	0.0078	1.4470 0.6911
	T_Lymphom 0.0033	0.0173	0.1901 5.2613
	Uterus 0.0118	0.0046	2.5702 0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0023	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0047		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
45	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0068	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0125	
	Eierstock_t 0.0379	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0066	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0090	
60	Hoden_n 0.0169	
	Hoden_t 0.0228	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
	Nerven 0.0191	
	Niere_t 0.0495	
65	Ovar_Uterus 0.0325	
	Prostata_n 0.0182	
	Sinnesorgane 0.0077	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	- Blase 0.0000	0.0094	0.0000 undef
	Brust 0.0070	0.0056	1.2524 0.7985
	Dickdarm 0.0057	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0148	0.0048	3.1108 0.3215
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0064	0.0060	1.0638 0.9400
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0019	0.0074	0.2631 3.8007
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0057	0.0026	2.1706 0.4607
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0067		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0039	0.0023	1.6595 0.6026
	Brust 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
10	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0018	0.5262 1.9004
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklungs 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 230

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0136	0.3679 2.7181
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0042	1.2524 0.7985
	Dickdarm 0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0148	0.0072	2.0739 0.4822
	Endokrines_Gewebe 0.0080	0.0106	0.7545 1.3254
	Gehirn 0.0046	0.0060	0.7737 1.2925
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0093	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0018	0.5262 1.9004
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0185	0.4639 2.1557
20	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0013	1.4470 0.6911
	T_Lymphom 0.0000	0.0075	0.0000 undef
25	Uterus 0.0015	0.0230	0.0643 15.5627
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0151	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0130	
	Hoden_n 0.0376	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0098	
	Lunge_t 0.0000	
65	Nerven 0.0100	
	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0045	
	Prostata_n 0.0182	
	Sinnesorgane 0.0310	
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 231

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Blase 0.0117	0.0047	2.4892 0.4017
	Brust 0.0053	0.0028	1.8786 0.5323
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0110	0.0213	0.5153 1.9406
	Eierstock 0.0030	0.0072	0.4148 2.4109
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0053	1.2071 0.8284
	Gehirn 0.0064	0.0140	0.4559 2.1934
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0254	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0059	0.0000 undef
	Lunge 0.0068	0.0055	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0067	0.0096	0.6964 1.4360
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0104	0.0039	2.6529 0.3769
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0418
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0030
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 232

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0136	0.7358 1.3590
	Blase 0.0117	0.0094	1.2446 0.8035
	Brust 0.0150	0.0056	2.6614 0.3757
	Dickdarm 0.0038	0.0199	0.1922 5.2023
10	Duenndarm 0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0119	0.0215	0.5530 1.8082
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0053	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0046	0.0040	1.1605 0.8617
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0190	0.2441 4.0959
	Herz 0.0142	0.0137	1.0337 0.9674
	Hoden 0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0078	0.0092	0.8419 1.1877
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0074	0.4639 2.1557
	Niere 0.0067	0.0096	0.6964 1.4360
	Pankreas 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0123	0.0039	3.1353 0.3190
	T_Lymphom 0.0101	0.0224	0.4508 2.2182
25	Uterus 0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0062	0.0000	undef 0.0000
30	Haematopoetisch 0.0134		
	Penis 0.0134		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0087
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0376
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0100
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0338
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 233

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0117	0.6638 1.5065
	Brust 0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
	Dickdarm 0.0211	0.0028	7.4006 0.1351
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0119	0.0024	4.9773 0.2009
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0142	0.2263 4.4181
	Gehirn 0.0035	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0279	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0071	0.0137	0.5169 1.9347
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0292	0.0148	1.9733 0.5068
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0141	0.0052	2.7132 0.3686
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0293
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0068
	Prostata_n 0.0243
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 234

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000 undef
	Brust	0.0035	0.0056	0.6262 1.5969
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0018	2.7161 0.3682
	Gehirn	0.0035	0.0010	3.4816 0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz	0.0020	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef 0.0000
25	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064 0.6225
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803 5.5448
	Haematopoetisch	0.0013		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0014	0.0000 undef
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
10	Eierstock 0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0053	0.3018 3.3136
	Gehirn 0.0006	0.0030	0.1934 5.1701
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0046	0.0000 undef
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0195
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0023
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 236

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0194	0.0084	2.2961 0.4355
	Dickdarm 0.0096	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0059	0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0053	2.4143 0.4142
	Gehirn 0.0041	0.0070	0.5803 1.7234
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0058	0.0092	0.6315 1.5836
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
	Niere 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0104	0.0039	2.6529 0.3769
25	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
	Uterus 0.0118	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0089	0.0000	undef 0.0000
30	Haematopoetisch 0.0134		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
40	Heptatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 237

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0176	0.0070	2.5048 0.3992
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
10	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0072	0.4148 2.4109
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0035	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0069	0.0010	6.9631 0.1436
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0061	0.0137	0.4430 2.2572
	Hoden 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0029	0.0037	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0037	0.0000 undef
	Niere 0.0134	0.0048	2.7855 0.3590
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0085	0.0026	3.2558 0.3071
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden_n 0.0084
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0070
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0203
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 238

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0009	0.0014	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0019	0.0028	0.6728 1.4864
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0148	0.0024	6.2217 0.1607
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0017	0.0060	0.2901 3.4467
	Haut 0.0037	0.0789	0.0466 21.4787
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0118	1.0178 0.9825
	Lunge 0.0029	0.0018	1.5786 0.6335
20	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0113	0.0026	4.3411 0.2304
25	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0068
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 239

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0125	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0156	0.0094	1.6595 0.6026
	Brust 0.0141	0.0225	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0172	0.0085	2.0184 0.4955
	Duenndarm 0.0192	0.0213	0.9018 1.1089
10	Eierstock 0.0237	0.0262	0.9050 1.1050
	Endokrines_Gewebe 0.0144	0.0160	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0197	0.0269	0.7307 1.3686
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0279	0.0190	1.4649 0.6826
	Herz 0.0203	0.0275	0.7384 1.3543
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0175	0.0166	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehre 0.0217	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0037	2.7833 0.3593
	Niere 0.0112	0.0289	0.3869 2.5849
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0941 0.4775
	Prostata 0.0141	0.0039	3.6176 0.2764
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
	Uterus 0.0148	0.0184	0.8032 1.2450
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0134		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0235		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0168
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden_n 0.0125
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0261
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0068
	Prostata_n 0.0243
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 240

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0035	0.0014	2.5048 0.3992
	Dickdarm 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0041	0.0020	2.0309 0.4924
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0010	0.0137	0.0738 13.5431
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0037	0.9278 1.0778
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0057	0.0039	1.4470 0.6911
	T_Lymphom 0.0126	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0062	0.0000	undef 0.0000
30	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0180
	Prostata_n 0.0485
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 241

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157 1.3973
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm	0.0000	0.0320	0.0000 undef
	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0199	0.0580 17.2337
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0085	0.0052	1.6279 0.6143
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
45	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust	0.0136		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0040		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0180		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 242

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0018	0.0028	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0057	0.0028	2.0184 0.4955
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0035	1.3580 0.7364
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0057	0.0026	2.1706 0.4607
25	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0030	0.0046	0.6426 1.5563
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0030
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 243

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0026	0.0014	1.8786 0.5323
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Eierstock 0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0071	0.4527 2.2091
	Gehirn 0.0012	0.0090	0.1289 7.7552
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0029	0.0018	1.5786 0.6335
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0047	0.0013	3.6176 0.2764
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0030	0.0092	0.3213 3.1125
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden_n 0.0084
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0180
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 244

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0117	0.0117	0.9957 1.0043
	Brust 0.0097	0.0070	1.3777 0.7259
	Dickdarm 0.0077	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0080	0.0071	1.1317 0.8836
	Gehirn 0.0075	0.0080	0.9429 1.0605
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz 0.0071	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0120	0.0059	2.0357 0.4912
	Lunge 0.0049	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0111	1.5463 0.6467
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0050	0.0166	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0198	0.0078	2.5323 0.3949
25	T_Lymphom 0.0051	0.0149	0.3381 2.9576
	Uterus 0.0163	0.0046	3.5341 0.2830
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0141		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0081
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden_n 0.0084
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0000
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 245

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957 1.0043
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655 0.6388
	Dickdarm	0.0134	0.0028	4.7095 0.2123
10	Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148 2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018 3.3136
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381 0.4468
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0117	0.0037	3.1573 0.3167
20	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0045	0.0048	0.9285 1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992 3.3427
	Prostata	0.0207	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426 1.5563
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0607	0.0902 11.0896
30	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0134		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0098
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0080
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0135
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0387
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 246

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0141	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0042	0.0000 undef
	Dickdarm 0.0115	0.0028	4.0367 0.2477
	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0053	0.9054 1.1045
	Gehirn 0.0064	0.0030	2.1276 0.4700
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0161	0.0059	2.7142 0.3684
	Lunge 0.0058	0.0074	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehe 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0057	0.0026	2.1706 0.4607
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0107		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
35	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
50	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0195
	Lunge_t 0.0000
60	Nerven 0.0050
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0068
	Prostata_n 0.0182
	Sinnesorgane 0.0000
65	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 247

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0136	0.1840 5.4361
	Blase 0.0039	0.0023	1.6595 0.6026
	Brust 0.0106	0.0056	1.8786 0.5323
	Dickdarm 0.0096	0.0142	0.6728 1.4864
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0231	0.0696 14.3590
	Gehirn 0.0139	0.0040	3.4816 0.2872
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0093	0.0127	0.7324 1.3653
	Herz 0.0081	0.0275	0.2954 3.3858
	Hoden 0.0000	0.0118	0.0000 undef
	Lunge 0.0078	0.0092	0.8419 1.1877
20	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0128	0.5668 1.7644
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0112	0.0145	0.7737 1.2924
	Pankreas 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0113	0.0065	1.7364 0.5759
	T_Lymphom 0.0152	0.0224	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0059	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0096	0.0607	0.1578 6.3369
	Haematopoetisch 0.0094		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
35	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0371
	Placenta 0.0061
45	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0156
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden_n 0.0042
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0195
	Lunge_t 0.0000
65	Nerven 0.0181
	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0180
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0232
70	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

20 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

25 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

30 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

40 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

45 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10 **Beispiel 4**

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-
Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama
vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von
Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die
Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit
Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen
Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-
Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren
Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses
Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die
entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -
Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>)
bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch
verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem
durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm
e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between
genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler
GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei
eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder
ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb
(<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die
Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten
Software und der Software des Whitehead-Institutes ([http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-
bin/contig/rhmapper.pl](http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl)).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

10

15

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199-D17S1548	207	707	
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	PCCMT		1p36.31	D1S2145-D1S2132	215	1265	
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON-JUGAT_2	1q21.2	D1S3384-D1S305	225	1330	
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205-D11S4535	231	762	
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des TEGT-Proteins aus der Ratte		10q23.1	D10S551-D10S532	246	1228	
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	Irrm	6p21.2	NIB1566-WI-4186	243	914	
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558-D1S232	315	1126	
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANER PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR		19q13.1		210	573	
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Möglicher Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700-D12S1601	244	486	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551- D10S532	215	662	
19	ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		2q35	D2S433- D2S295	225	750	
21	ca. 3x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben			9q34.13	D9S158- D9S2053	229	1001	
23	stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968	184	580	
24	5x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	EIF-6		20q11.1-q11.22		237	740	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Homolog zu HUMANem SORCIN		1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548	219	975	
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912	259	854	
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1 - 11q13.5	SHGC-15247-NIB715	288	802	
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944	224	807	
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717	276	777	
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettmoren	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521	284	1104	

Seq Expression ID	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
33 in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085	208	810	
35 in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150	223	826	
36 in normalem Prostatagewebe erhöht	Id1	HLH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
37 in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765	293	799	
39 in Prostataatumoren erhöht	C1 inhibitor serpin		11p13-11q13.1	SHGC-30227-D11S1983	262	1743	
41 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867	267	1183	
42 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371	270	768	
43 ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493	279	1029	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833	237	736	
46	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		19p13.3	[B]1264-WI-6480	259	1159	
47	in normalem prostatatischen, hepatischen und ovarian Gewebe erhöht	Unbekannt		6q13-q21		159	690	
51	in normalem Prostatagewebe und in haematoopoëtischen Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674	250	1186	
52	in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	SPARC	kazal	5q21.1-q33.2	WI-7565-WI-6351	261	1029	
53	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197	261	985	
54	in normalem Prostatagewebe und in Skeletttumoren erhöht	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448	246	622	
55	Prostatagewebe und hepatischen Tumoren erhöht	B4-2		6q16.2	D6S1644-D6S2057	239	1129	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442	160	877	
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe		Methyl-CpG bindendes Protein MBD2	18q21.32-18q21.32		288	1329	
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	697	
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	Unbekannt		17p11.2	AFM126YD5	378	1389	
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200	260	535	
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
64	1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149	302	1860	
217	2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt	UBIQUITIN_CON JUGAT	1q21.2	D1S3384-D1S305	1880	6	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
218	2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205-D11S4535		1024	7
219	2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des TEGT		10q23.1	D10S551-D10S532		2383	8
220	2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	TXBP151	COILS	7p21.3-7p14.1	D7S2363		3210	12
221	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Mögliche Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700-D12S1601		1030	17
222	2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532		1216	18
223	0.8348 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HYA22		2q35	D2S433-D2S295		2369	19
224	1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968		849	23

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
225	8.6822 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HUMANem SORCIN	EF_HAND_2	1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548		1502	26
226	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostataumor gefunden	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912		1892	27
227	2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944		1522	29
228	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717			30
229	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostataumor gefunden	Unbekannt					765	31
230	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521		1611	32
231	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085		1473	33
232	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans		3p23-p21.1	SHGC-32884-D3S4150		2503	35

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
233	2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	8p12	SHGC-5722-SHGC-5765			1756	37
234	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostataumor gefunden	Acyl-protein thioesterase	6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867			1236	41
235	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostataumor gefunden	Unbekannt	16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371			1230	42
236	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Stat5b	17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493			2328	43
237	3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833			1767	44
238	4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	19p13.3	IB1264-WI-6480			2311	46
239	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	SDP3	PX	6q13-q21			1772	47
240	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	1p36.11	D1S3131-D1S2674			2409	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsssequenz
241	1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	53
242	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	54
243	3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442		1206	58
244	2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
247	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>ID No.</u>	<u>ORF Sequenz ID No</u>				
2	66				
3	67	68	69	70	
4	71				
6	73				
7	74				
8	75				
9	82				
10	83				
12	90				
14	91				
16	92				
17	93				
18	97	98	99	100	101
19	102	103	104	105	
21	109				
23	111	112	113		
24	114				
26	116				
27	117	118	119		
28	120	121	122	123	124
29	128				
30	129	130	131		
31	132				
32	133				
33	134	135	136	137	
35	139	140	141	142	143
36	147	148	149		
39	152				
41	154	155	156	157	
42	158	159	160	161	
43	162	163	164		
44	165				
46	168	169	170	171	172
47	173				
51	183	184	185	186	187
52	188	189	190	191	192
54	194				
55	195				
58	201				
59	202	203	204	205	206
60	207	208	209		
61	210				
62	214	215	216		
217	248				
218	249	250			
219	251				
220	252				
221	253				

<u>DNA-Sequenz</u>	<u>ORF Sequenz</u>
<u>ID No.</u>	<u>ID No.</u>
222	254 255
223	256
224	257
225	258
226	259 260
227	261 262
228	263
229	264 265
230	266
231	267 268
232	269
233	270 271
234	272 273
235	274 275
236	276 277
237	278 279
238	280 281
239	282
240	283 284
241	285 286
242	287 288
243	289 290
244	291 292
245	293
246	294
247	295

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- 10 (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatagewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- 25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1437 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

	CTCCTTGGAA	GTCCCCTTCC	AGCTCCCAGC	CTCTGCCCA	GGTTCCGGCT	CCGGCTCAGA	60	
	GCCAGACACA	GTTCCATGTT	CAGCCCCAGC	CCCAGCCAA	GCCTCAGGTC	CAACTCCATG	120	
10	TCCAGTCCC	GACCCAGCCT	GTGTCTTG	CTAACACCCA	GCCCCGAGGG	CCCCCAGCCT	180	
	CATCTCCGGC	TCCAGCCCT	AAGTTTCTC	CAGTGACTCC	TAAGTTACT	CCTGTGGCTT	240	
	CCAAGTTCA	TCCTGGAGCC	CCAGGTGGAT	CTGGGTACA	ACCAAATCAA	AAATTGGGGC	300	
	ACCCCGAAGC	TCTTTCTGCT	GGCACAGGCT	CCCCTCAACC	TCCCAGCTTC	ACCTATGCC	360	
	AGCAGAGGGA	GAAGCCCCGA	GTGCAGGAGA	AGCAGCACCC	CGTGCCCCCA	CCGGCTCAGA	420	
15	ACCAAAACCA	GGTGCCTCC	CCTGGGGCCC	CAGGGCCCCT	GACTCTGAAG	GAGGTGGAGG	480	
	AGCTGGAGCA	GCTGACCCAG	CAGCTAATGC	AGGACATGGA	GCATCCTCAG	AGGCAGAATG	540	
	TGGCTGTC	CAA CGA ACT CTG C	GGCCGATGCC	ATCAACCCCT	GGCCCGGGCG	CAGCAGCCGT	600	
	CCCGCCTCTA	GGGCAGCTGT	TCCACATCGC	CTGCTTCACC	TGCCACCAGT	GTGCGCAGAG	660	
	CTCCAGGGCC	A GCAGTTCTA	CAGTCTGGAG	GGGGC GCCGT	ACT GCGAGGG	CTGTTACACT	720	
	GACACCCTGG	AGAAGTGTAA	CACCTGCGGG	GAGCCC ATCA	CTGACCGCAT	GCTGAGGGCC	780	
20	ACGGGCAAGG	CCTATCACCC	GCACTGCTTC	ACCTGTGTGG	TCTGCGCCCG	CCCCCTGGAG	840	
	GGCACCTCCT	TCATCGTGA	CCAGGCAAC	CGGCCCCACT	GTGTCCCCGA	CTACCACAAG	900	
	CAGTACGCC	CGAGGTGCTC	CGTCTGCTCT	GAGCCC ATCA	TGCCTGAGCC	TGGCCGAGAT	960	
	GAGACTGTG	GAGTGGTCGC	CCTGGACAAG	AACTTCCACA	TGAAGTGT	CAAGTGTGAG	1020	
	GA	CTGCGGG	AGCCCTGTC	GATTGAGGCA	GATGACAATG	GCTGCTTCCC	CCTGGACGGT	1080
25	CACGTGCTCT	GTCGGAAGTG	CCACACTGCT	AGAGCCCAGA	CCTGAGTGAG	GACAGGCC	1140	
	CTTCAGACCG	CAGTCCATGC	CCCATTGTGG	ACCACCCACA	CTGAGACACC	CTGCCCCCAC	1200	
	CTCAGTTATT	GT	TTTGATGT	CTAGCCCCTC	CCATTCCAA	CCCCTCCCTA	GCATCCCAGG	1260
	TGCCCTGACC	CAGGACCCAA	CATGGTCTAG	GGATGCAGGA	TCCCCGCC	GGGGTCTGGT	1320	
	CCTCGCCCAT	CCTGCAGGG	TTGCCACCG	TCTTCCAGAC	ACCCCACCTG	AGGGGGGCAC	1380	
30	AAGTTTAGT	GCTGCTGCTT	TCACTGCTGC	ACCCGCGCCC	TCGGCCGGCC	CCCCGAG	1437	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 707 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTCC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCTTG	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGCG	CCGTCTACCT	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
	TGGGGCCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTCAGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCCTCC	AAAGATTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTCGGTG	GCCCCCTCCA	AGGCCCCGGA	GTACTCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCAC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GAUTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTAAAAAAA	AAAAAAA		707

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	CACTGGGATG	GGCATAACACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAAC	CGTCAANGTT	60
	TTTATACTCA	GATGTGGGAG	CGACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	AATGGGCAGA	CATTTGGTTA	ATTGTGCCAG	ATACCTAAAA	TGTATGTTCA	GAAAAGCATT	180
45	TTATCAACTC	AGAAATATGA	CTTATTTCTA	GATTTCATGG	CTTAATGAAT	TTTTTCATTG	240
	TTATATATAC	CAAAGAGGCT	TACGGGTTCA	TTGATTGGTT	TGAAAACCAG	ACAGACGGCC	300
	GTGAGCCACC	ACGCCAGCC	AAGATGAAC	CCTTAAGGAC	AGGATTTGGT	AAGTGATTGA	360
	CTTCTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTAA	GCAGTGGCAG	420
	GGCCCGTGG	GAATCAGGTT	AATGAGGTA	AGGCTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	480
50	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAACTG	TCAAGAGATT	TATTTTTCCA	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAATAGG	TACTGTCAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	CATAGAGTGA	AGCCTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720

CTTCACGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTCATTAA 780
 CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCBBBBAA AATGTTCTA AACCAGGAAG CTGCCTTAGC 840
 GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATAAC 900
 CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 960
 5 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCC CCTCTGTCA 1020
 GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGTT 1080
 TGGAAAGACCC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCC TTGCAAGGAG AGGAACGTGAA 1140
 CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTACA TAAATGGTT AATTAAATA ATTCAAATT 1200
 TGGAAATTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT 1260
 10 GGATT 1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60
 GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120
 GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180
 40 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAACACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240
 AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAAACCTGG CCATCCTAGA 300
 GAAAATTAAA AAGAACCGAGA GGCAAGATTAA CTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360
 GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTCAAAGG 420
 CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCCT 480
 45 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540
 AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTCTCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCAT 600
 TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGGAG GGGCCATCTG 660
 CATGGAACCTT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720
 GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGAA AGCACGAGTG CAGTTGGAG CCAACAAATC 780
 50 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840
 AAACGGCTGG TACACACCCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900
 CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTGGATCT CACGCTGCCT 960
 CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCCCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA 1020

TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTCAAG TACTCAAGAC 1080
 TGACTTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCCTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA 1140
 GAAACTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC 1200
 TTACCTATGC TATGGATTT TAATTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTG 1260
 5 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAC AATTACAGTT 1320
 TGTTAATTG 1330

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

10 **(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 762 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 **(ii) MOLEKÜLTYP:** Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20 **(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

25 **(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 **(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

35	GC GGTCGGTA GTGCGGCCGT GTTTAAAGAT GGCGGCCGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA	60
	GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT	120
	GGCTCAGCAG GACCAGAAC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCCCTCTGG TGTCAGAGCG	180
	GCTGGAGCTC TCGGTCTTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA	240
	GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG	300
	TTTCTATCGG GCTTCGGAT TCTCCCCTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT	360
40	GCAGCGGTTCA AAGGCTGTGT CTGCCAACAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC	420
	TGAATTCAACATGAGGATT TCCACAAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA	480
	GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT	540
	TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTCGA	600
	GCACCTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT	660
45	GTGCAAGGAG AGCGACCACCA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT	720
	CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGCGAGGG CGGCACCACCA AA	762

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

50 **(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

20	GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCAACCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
	TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
	GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
	GTAATCAAGC GTGCAGAACT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAAC 240
	TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTAA TCGGAGTTGC AACTATGCTG 300
25	GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
	AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTCGTTGA 420
	AGTTTAGAAG ATAAGAACAA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCCTCAG 480
	GTCTGCCCTT TTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
	TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTAAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAAA CTAAAGTTG 600
30	TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTAAAATTAA GTAGGTTCAC TGAGTAAC 660
	AAATTATAGCA AACCTGTGTT TGCATATTAA TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
	ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTG 780
	TTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
	ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
35	CTGTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
	CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTGAC TTGTACAGAA TGTAAATCAT ACAGAGAAC1020
	CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT ACAAAAGGAA ATAACTTAA1080
	AACTATTCTC AAGAGAAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTCC AGAATACAAA1140
	CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTT TATTTTGCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200
40	TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA 1228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

15	GGCGGTGGTC CGCCATTTCG TGGACGCCGG GTGAGTGAGA GAGTTGGTTG GTGTTGGGCC	60
	GGAGGAAAGC GGGAAAGACTC ATCGGAGCGT GTGGATTG A GCCGCCGCAT TTTTTAACCC	120
	TAGATCTCGA AATGCATCGT GATTCTGTC CATTGGACTG TAAGGTTTAT GTAGGCAATC	180
	TTGGAAACAA TGGCAACAAG ACAGGAATTGG AACGGGCCTT TGGCTACTAT GGACCACTCC	240
	GAAGTGTGTG GGTTGCTAGA AACCCACCCG GCTTTGCTTT TGTTGAATT GAAGATCCCC	300
20	GAGATGCAGC TGATGCAGTC CGAGAGCTAG ATGGAAGAAC ACTATGTGGC TGCGTGTAA	360
	GAGTGGAACT GTCGAATGGT GAAAAAAAGAA GTAGAAATCG TGGCCCACCT CCCTCTGGG	420
	GTCGTCGCC C TCGAGATGAT TATCGTAGGA GGAGTCCTCC ACCTCGTCGC AGATCTCAA	480
	GAAGGAGAAG CTTCTCTCGC AGCCGGAGCA GGTCCCTTTC TAGAGATAGG AGAAGAGAGA	540
	GATCGCTGTC TCGGGAGAGA AATCACAAAGC CGTCCCGATC CTTCTCTAGG TCTCGTAGTC	600
25	GATCTAGGTC AAATGAAAGG AAATAGAAGA CAGTTTGC A GAGAAGTG GTACAGGAAA	660
	TTACTTCATT TGACAGGAGT ATGTACAGAA AATTCAAGTT TTGTTTGAGA CTTCATAAGC	720
	TTGGTGCATT TTTAAGATGT TTTAGCTGTT CAAATCTGTT TGTCTCTTGA AACAGTGACA	780
	CAAAGGTGTA ATTCTCTATG GTTTGAAATG GATCATACGA GGCATGTAAT ACCAAGAATT	840
	GTTACTTTAC AATGTTCCCT TAAGCCAAAA TTGAATTG C TTTGAACCTTT TAGTTATGCA	900
30	CAGACTGATA ATAA	914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1126 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

5 GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCAC A 60
 CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120
 TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180
 CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCCCTCTC 240
 10 ATTCTGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCCCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAAGGGCCC 300
 CCTAGCCACA TAATAGGCAG TGAGGGAGATA CCAGAAAACT GCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360
 GGNATTCCA CGGGGAGGCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420
 TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480
 TGTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540
 15 GAATCTCGCT GACTGTCAAGA GCGGAGGTGCT CTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600
 GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTC TGCCTGAGAT 660
 GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720
 GGGGAAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTCTCA GAGGATTCTAT CCTCCTCTC 780
 CTGTCAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTGCCAA 840
 20 GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTC AAAACTGGCT 900
 GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960
 GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTCGCAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG1020
 GGGCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG1080
 CTGCCAGAA CCCAACCCAC CAGTTCTATC TTTCTTTTC TGTGAC 1126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

50 TAGACCAC TG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTACTG CACTTCTGA 60
 CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTG CTTATCAATA 120
 AATTTAAC TCTGTTAAC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180

T	ATTTATTCC	CTAGTTGCA	GAACGTCTG	AATAAAGGAT	ACAAGGATTA	TTTCAATGTT	240
5	ACTGCACTGA	AAAACGTGA	TGTATTAGTG	TGCTAGATTA	TTTAGCAGAA	TATTCAACAG	300
	TTTCTGTTGA	CCTTGTGAT	TGAGCATGAC	TACTAAATAT	TATGTAATAA	AAAGCATTG	360
	TCATAACAGT	CTTATGAAGT	AGTTCTTCGA	ATATAGAAAG	TTCTATAATT	TAGCCCATGA	420
	AATGATAGGT	TTTTAATTGGA	GCTGCATGTA	GAATGAGATC	ACATGCTTT		480
	ATATGTGAA	TATTGGTTT	AGCAAATTAAC	AGAAGGCATA	CTTGCTAAT	TTTATGGC	538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CCCTACAAC	GGTGCAAAC	TCAGGCTTTC	CCCAGTGACC	AACAATTAA	ATTCCAAGAG	60
35	GTGAGGATCT	CAGGAGGTGG	CATTCACCCA	CCAGGGAGCT	AGGGAAAGGG	120
	TCTCCACACC	CAGGAGAGGT	GTCCCTCCAG	CCAAGGCAGG	CAGGACACTC	180
	CCTCCTGTGC	CCAGGCCCTT	GACTACACTC	TCATCTGCCA	TCTGAGCTAA	240
	CAGTTAAAGA	AAGGCCCCA	AAACATGAAGC	AGGGACAAGG	AGACGGACAG	300
	ACCCATTGAT	AGGGAAGAGA	G		GGGTCAAGATG	321

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 847 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15	AGACAAATCT TCTGCATGTC GGAGGAACGG GAATTATTCT GATGAAAAGA AAGATGCTAT	60
	GTATTGGGAA AAAAGGCGGA AAAATAATGA AGCTGCCAAA AGATCTCGTG AGAACCGTCG	120
	ACTGAATGAC CTGGTTTAG AGAACAAACT AATTGCACTG GGAGAAGAAA ACGCCACTTT	180
	AAAAGCTGAG CTGCTTTCAC TAAAATTAAA GTTGGTTTA ATTAGCTCCA CAGCATATGC	240
	TCAAGAGATT CAGAAACTCA GTAATTCTAC AGCTGTGTAC TTTCAAGATT ACCAGACTTC	300
	CAAATCCAAT GTGAGTTCAT TTGTGGACGA GCACGAACCC TCGATGGTGT CAAGTAGTTG	360
20	TATTTCTGTC ATTAAACACT CTCCACAAAG CTCGCTGTCC GATGTTTCAG AAGTGTCC	420
	AGTAGAACAC ACGCAGGAGA GCTCTGTGCA GGGAAAGCTGC AGAAGTCCTG AAAACAAGTT	480
	CCAGATTATC AAGCAAGAGC CGATGGAATT AGAGAGCTAC ACAAGGGAGC CAAGAGATGA	540
	CCGAGGCTCT TACACAGCGT CCATCTATCA AAACTATATG GGGATTCTT TCTCTGGGTA	600
	CTCACACTCT CCCCCACTAC TGCAAGTCAA CCGATCCTCC AGCAACTCCC CGAGAACGTC	660
25	GGAAACTGAT GATGGTGTGG TAGGAAAGTC ATCTGATGGA GAAGACGAGC AACAGGTCCC	720
	CAAGGGCCCC ATCCATTCTC CAGTGAACT CAAGCATGTG CATGCAACTG TGGTTAAAGT	780
	TCCAGAAGTG AATTCCCTCTG CCTTGCCACA CAAGCTCCGG ATCAAAGCCA AAGCCATGCA	840
	GATCAAA	847

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 573 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5	GGAGGCTGCT	GGGGCGGGCG	CGTCCAGCTC	TGGGCCAGGG	GGTCCAAAGT	GCTCAGCCCC	60
	CGGGGCACAG	CAGGACGTTT	GGGGCCTTC	TTTCAGCAGG	GGACAGCCCG	ATTGGGGACA	120
	ATGGCGTCTC	TTGGCCACAT	CTTGGTTTC	TGTGTGGGTC	TCCTCACCAT	GGCCAAGGCA	180
	GAAAGTCAA	AGGAACACGA	CCCCTTCACT	TACGACTACC	AGTCCCTGCA	GATCGGAGGC	240
	CTCGTCATCG	CCGGGATCCT	CTTCATCCTG	GGCATCCTCA	TCGTGCTGAG	CAGAAGATGC	300
	CGGTGCAAGT	TCAACCAGCA	GCAGAGGACT	GGGAAACCCG	ATGAAGAGGA	GGGAACCTTTC	360
10	CGCAGCTCCA	TCCGCCGTCT	GTCCACCCGC	AGGCGGTAGA	AACACCTGGA	GCGATGGAAT	420
	CCGGCCAGGA	CTCCCCCTGGC	ACCTGACATC	TCCCACGCTC	CACCTGCGCC	CCCACGGGCC	480
	CCTCCGCCGC	CCCTTCCCCA	GCCCTGCCGC	CGCAGACTCC	CCCTGCCGCC	AAGACTTCCA	540
	ATAAAACGTG	CGTTCCCTCTC	GACAAAAAAA	AAA			573

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 486 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40	GCCGCACGGC	TTGCTGGGC	TGGGCTCTTC	CTCGCGGAAG	TGGGGAGGAG	GCGGTTGCGG	60
	TTAGTGGACC	GGGACCGGTA	GGGGTGCTGT	TGCCATCATG	GCTGACCCCG	ACCCCCGGTA	120
	CCCTCGCTCC	TCGATCGAGG	ACGACTTCAA	CTATGGCAGC	AGCGTGGCCT	CCGCCACCGT	180
	GCACATCCGA	ATGGCCTTTC	TGAGAAAAGT	CTACAGCATT	CTTTCTCTGC	AGGTTCTCTT	240
	AACTACAGTG	ACTTCAACAG	TTTTTTATA	CTTTGAGTCT	GTACGGACAT	TTGTACATGA	300
45	GAGTCCTGCC	TTAATTTGC	TGTTTGCCCT	CGGATCTCTG	GGTTTGATTT	TTGCGTTGAC	360
	TTAAACAGA	CATAAGTATC	CCCTTAACCT	GTACCTACTT	TTTGGATTTA	CGCTGTTGGA	420
	AGCTCTGACT	GTGGCAGTTG	TTGTTACTTC	TATGATGTAT	ATATTATCTG	CAAGCTTTCA	480
	TACTGA						486

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:662 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

CTTTTTTCCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
25 CTTGTTTCTC	CTCTTGTTT	CCTTTGGGC	AGTTTGATCA	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
CTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTTGTTT	TTTTAAATTT	TTTTAAACCA	AGAATGATTT	240
CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
GCTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
AAAGGGAAA	AGGAACTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
30 ATAAAAAACAA	ATAGCACAGC	CCTTGTGAG	GTCAGCAGGG	AGGAGGGGCT	GCCC GGAGTT	480
GGGTCTTGC	CTGGATTTG	ACACAGCAAC	TTCCTGAGT	GAGCACTTG	TATGAATCGT	540
GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAAA	600
ATCCAACCTT	CTAATAAACAA	TGATGGCGCA	GTCCCCAAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
GG						662

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE:750 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

10	ATAGATTTG AGGGGAAGGA GAGAGGGAAG GGTCAGGGTA GAGACACCCCC TCCCTTGCCC	60
	CTTTCCTGGG CCCAGAACATT GGGGGGAGGG AGGGAAAGGA TTTTACATT TTTTAAACTG	120
	CTATTTCTG AATGGAACAA GCTGGGCCAA GGGGCCAGG CCCTGTCTC TGCCCTCAC	180
	ACCCCTTGC TCCGTTCAT CATTAAAAAA AACATTCTT GAGCACCTTC TGTGCCAGC	240
	ATATGCTAGG CCCACCAGCT AAGTGTGTGT GGGGGGTCTC TACGCCAGCT CATCAGTGCC	300
15	TCCTTGCCA TCCTTCACCG GTGCCCTTGG GGGATCTGTA GGAGGTGGGA CCTTCTGTGG	360
	GGTTTGGGGA TCTCCAGGAA GCCCGACCAA GCTGTCCCCT TCCCCTGTGC CAACCCATCT	420
	CCTACAGCCC CCTGCCTGAT CCCCTGCTGG CTGGGGGCAG CTCCCAGGAT ATCCTGCCTT	480
	CCAACTGTTT CTGAAGCCCC TCCTCCTAAC ATGGCGATTC CGGAGGTCAA GGCCTTGGC	540
	TCTCCCCAGG GTCTAACGGT TAAGGGGACC CACATACCAG TGCCAAGGGG GATGTCAAGT	600
20	GGTGATGTGTT GTGTGCTCCC CTCCCCCAGA GCGGGTGGC GGGGGGTGAA TATGGTTGGC	660
	CTGCATCAGG TGGCCTTCCC ATTTAAGTGC CTTCTCTGTG ACTGAGAGCC CTAGTGTGAT	720
	GAGAACTAAA GAGAAAGCCA GACCCCTAAA	750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

50	GGGGGAGAGA GGGAGGCCTT TGGCGGTGG GGGCCACGGG GAGGGTGGTC CTCGGACTAC	60
	GTGCGGGACA GGAGGTCAGG GCTGGCAAGT CCCTCAGGCC TCCCTCGTTG CCCCAGCCTC	120
	GCGGGCCGCC TAACTGCCCT GTCCAAGGG TGCCACCGGA CCCCGCTGGA GAGGAACCTC	180
	TCCGTTGGCT GATTCATCA CCACCCATTG CCGATTCCAC GTTTCCTTTA AGCGGGGCTG	240

GCGGAGCGCA AGGGGGCAAG GAACTGGATT GCGATTGGTC AGCACGTGCC TCGGTCGGCG 300
 GTACAATTGG CTGAGGCAGT GGGCCTGGG AAGCATTCCC CGACGGGATT GGTCGTCGCT 360
 CTCGCAGAGC CCGCCTCCCG CAGTACAAGC GGCCCCCGGG TGGGGGGGGGA GGAGGGGACT 420
 CCGGGAGGAG GAACATGGCG GTGGCGGACC TCGCTCTCAT TCCTGATGTG GACATCGACT 480
 5 CCGACGGCGT CTTCAAGTAT GTGCTGATCC GAGTCCACTC GGCTCCCCGC TCCGGGGCTC 540
 CGGCTGCAGA GAGCAAGGAG ATCGTGCAGC GCTACAAGTG GGCTGAGTAC CATGCGGACA 600
 TCTACGACAA AGTGTGGGC GACATGCAGA AGCAAGGCTG CGACTGTGAG TGTCTGGCG 660
 GCGGGCGCAT CTCCCACACAG AGTCAGGACA AGAACGATCA CGTGTACGGC TATTCCATGG 720
 CCTATGGTCC TGCCCAGCAC GCCATTCAA CTGAGAAAAT CAAAGCCAAG TACCCCGACT 780
 10 ACGAGGTCAC CTGGGCTAAC GACGGCTACT GAGCACTCCC AGCCCAGGGC CTGCTGCCTC 840
 CAGCAGCCAC TTCAGAGCCC CCGCCTTGC CTGCACTCCT CTTGCAGGGC TGGCCCTGCC 900
 TGCTCCTGCG GCAGCCTCTG GTGACGTGCT GTCCACCAAG CCTTGGAGAC AGGCTAGCCT 960
 GGCCACAGAA TTAAACGTGT TGCCACACCT GCCGGCTTCT G 1001

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 580 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

30 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40 CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60
 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTCTCTGCA TGTTTTACCT 120
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCCTGAAC ACAAGATCCA 180
 GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAAACTGC TTTCTCCTT 240
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCA AAGCATTAT AATTTCCTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300
 45 CATTGTAATT ATCGAGCTC GGAAGGCTT GGAAATTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360
 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTAG AGATGGTGAA 580

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAAACG	60
GAAACCTTT	TAGGGAGTCC	AAGGTACAGT	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
25 GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTCGAG	AACAACGTG	AGATCGGCTG	CTTGCCAAG	180
CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
GAGGGCGAGC	TCTCCGATAAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATGCCGG	CTGCCGCATC	300
ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
30 CAGGAGCTGC	AACACATTG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
GAGCGGCTCT	CAGCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
CCAGACTTGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAATT	CTGGCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	600
GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTCAAGTC	660
35 CCTTGGTGC	GGGATGTGAA	CGAACGATTA	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
TTCGTGCCTG	AAACCACCAAG					740

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:975 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ATGGGCTACA	ACCTGAGCCC	CCAGTTCAACC	CAGCTTCTGG	TCTCCCGCTA	CTGCCACGC	60
TCTGCCAACATC	CTGCCATGCA	GCTTGACCGC	TTCATCCAGG	TGTGCACCCA	GCTGCAGGTG	120
CTGACAGAGG	CCTTCGGGA	GAAGGACACA	GCTGTACAAG	GCAACATCCG	GCTCAGCTTC	180
GAGGACTTCG	TCACCATGAC	AGCTTCTCGG	ATGCTATGAC	CCAACCATCT	GTGGAGAGTG	240
15 GAGTGCACCA	GGGACCTTTC	CTGGCTTCTT	AGAGTGAGAG	AAGTATGTGG	ACATCTCTTC	300
TTTCCCTGTC	CCTCTAGAAC	AAACATTCTCC	CTTGCTTGTAT	GCAACACTGT	TCCAAAAGAG	360
GGTGGAGAGT	CTGCACTCAT	AGCCACCAA	TAGTGAGGAC	CGGGGCTGAG	GCCACACAGA	420
TAGGGGCCTG	ATGGAGGAGA	GGATAGAAC	TGAATGTCCT	GATGGCCATG	AGCAGTTGAG	480
20 TGGCACAGCC	TGGCACCAAGG	AGCAGGTCC	TGTAATGGAG	TTAGTGTCCA	GTCAGCTGAG	540
CTCCACCCCTG	ATGCCAGTGG	TGAGTGTCA	TCGGCCTGTT	ACCGTTAGTA	CCTGTGTTCC	600
CTCACCAAGGC	CATCCTGTCA	AAAGAGCCC	TTTTCTCCAA	AGTGAATCT	GACCAAGCAT	660
GAGAGAGATC	TGTCTATGGG	ACCAGTGGCT	TGGATTCTGC	CACACCCATA	AATCCTTGTG	720
TGTTAACTTC	TAGCTGCCTG	GGGCTGGCCC	TGCTCAGACA	AATCTGCTCC	CTGGGCATCT	780
25 TTGGCCAGGC	TTCTGCCCTC	TGCAGCTGGG	ACCCCTCACT	TGCCCTGCCAT	GCTCTGCTCG	840
GCTTCAGTCT	CCAGGAGACA	GTGGTCACCT	CTCCCTGCCA	ATACTTTTT	TAATTGCA	900
TTTTTTCAT	TTGGGGCCAA	AAGTCCAGTG	AAATTGTAAG	CTTCAATAAA	AGGATGAAAC	960
TCTGGAAAAA	AAAAAA					975

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

	GAACACACAC	ACAGGTGTT	TGACCAGCTC	AGGCTTGCCA	CAGTGAGCAA	CTCTGTGGCT	60
	AGCAAAAGAG	AAGTTTATT	GTGCCAGCC	ATTGGTCACC	TTGGGTGATG	CACCAAGATAG	120
5	CAGGCAGATG	TTGGTTCATT	GGCCTTCGTC	CTCTTCCCTC	CTAAAATAAT	ATTGGCTTTA	180
	CCATCTTAAC	TCAGCTGTGG	GTTTTTGTG	GGTTCTGTT	TGTTTTTG	CATGAATTGT	240
	CATCTTGTT	GTTTTTTAA	CCCCCAGCCC	CTCAAAAAAA	TAAGGCCTCC	AGGTATCAAG	300
	ATCTCATATT	AGGATTTCT	GTCCTTAATT	TTTGAGCAA	AATCTGGAAA	ATGTGAAAGC	360
	ATATTAGAT	TTTATATACT	ATCTGAAATG	TGATTTGTTA	AGATTCTTAA	ATTTGGGCCT	420
10	CTTAGAATAA	TTTGAAATGA	GATCTACCGA	CTCACTGTG	AGAATATTTT	TCACAGATTA	480
	TCTTGGGCC	TTTCATTAG	AAAGCTGTT	GTTGTCCCC	CTGTTGGTAC	ATTTGGTTAC	540
	CTCATTGTC	CGTTTCAGAT	TGTGAAAGCT	CACAGGGGTG	TTTTTGGAA	TCATTGCTG	600
	AGTCATTTTC	TCAAATCATA	TTCCATTGTA	TCAGTTAAC	TATAGTTTA	AATGTATGTA	660
	TTATAAAATAT	CTGTAACCAA	ATCATTGAA	GGCTTGATAA	ATTTTAACA	AAGTTTGTAC	720
15	ATTTTTATG	AAAGTTACTA	GTAATGCTT	ACTAAGTAGT	GCAATGAATT	TTTATTTTA	780
	ATCCCTGTGC	CCAATTTGG	AGTTGAGAGG	GTTGTTGTA	ATAAAATGTAT	GATGTACACT	840
		AAAAAAAAAA	AAAA				854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 802 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SÖNSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

	TTTTTTTCAG	AGTGCTAGGG	CTTTATTACA	AATGGAGTTG	ACTGCTAGAG	AGGCCCTTCT	60
	CCAATCTTC	TTCTGTACCT	TCTTCCCTCC	CAAAGACATC	CCTCTAGGGG	AGGTCAGTAG	120
45	GCCATTAGGT	AGGAGGAAAT	CTGGAGAGTG	AAAAGGGGCC	TTGCTTTGT	CAAAGTCCTC	180
	TGAAACAAACC	ACTGAGTCG	AAGGCTGGCT	CCAGTTGAGA	ATCTTCTAGT	GGAAGAGGTT	240
	TAGCTCTCAT	CTTCAAGGTC	CTTCATTCT	ACATCCTGGG	GGGCTTTGT	CTTCTTTGTC	300
	CTTTTGAGCT	GTGGTTCACT	AGTCCTGGCT	GGCTTTGAAG	GGGCTTCCAC	TTCCATGGCT	360
	GTCTTCTCTT	TCTGGGCAAG	CCGGATCTGC	TGGAGGAGTT	TTCTGCGCTT	CTTCCCTGAC	420
50	AGTGTAAATGT	TGGCACGTGC	ACTGGACGCC	CGCTTCTGA	GGTGGTGCCG	CGTGATCAGC	480
	CCTTGGTCTA	TCACAGCCCC	GACCACCCGG	TGCCTCAGAC	GCCGCTCCCG	ATTCAACACC	540
	CGCCGGCGTT	TGAACAGCTT	CTTCTTCAGC	TCCGTTGGG	GCCGGTTGAT	CTTCCCCCCC	600
	GGAGCTCCCA	TAGTCGCGAT	TCCACTCCAG	TTCACGGTCC	GTACTTCCGC	TCAGCGCCGG	660
	ATCCCGGGGC	TCCGCCCCGG	CCTTCCGCGG	GCCAATCGCA	ACTCGGGGGC	GGGTCCCTCGG	720

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG 780
 TGGTTTAGC TGTAGTAGCC AG 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

30 CCCCCGCCGC CGCTGGTGGC TGCTGCTGTG CÄTGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCA 60
 GCCTGTCAGT TTCCTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCCTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG 120
 CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA 180
 GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CCTTGGGTAT 240
 GAATGTGTGA GTTCACCCAG AGGCCTGCTC TCCTCACACA TTGTGTGGTT TGGGGTTAAC 300
 GATGGAGGGA GACACCTCT CATAGACGGC AGGTGCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCAGC 360
 35 ATGGGCGGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGTA AACTATTGT GGCTGTGCTG CTTGAGTGAC 420
 GTCTCTGTG TGTTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAAACTG TGTTCTGAGC CCCCTTTCT 480
 GGACACCAAC TGTGTCCCTGT GAATGTATCG CTACTGTGAG CTGTTCCCGC CTAGCCAGGG 540
 CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGGT CAGCTGAGCC ACAGTCCCAG AACCAAGCTC 600
 40 TCGGTGTCTC GGGCCACCCT CCGCCCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT 660
 GTGAGCCCCG GGCGGTGCAT CCTGCTCAGT GTGGCGTCAG TGTCGGGGCT GAGCCCTTG 720
 AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA 780
 ATAAAAGGTT GACAGGGAAA AAAAAAA 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 777 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCC	CCCACCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
20 CCAACTGGCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
GCCCCTCATT	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
GAGGTGGGAG	GAAGAAGTGG	GAAATTCCC	TTCCCAGTAC	CCCCAAGAAC	GTCTGAGCCT	300
TCAATGTTGA	ATTTTTCTT	TATTAATATT	ACTTTTATCT	TATAAAATCA	ACTAATCAAA	360
AATGATATAG	ACGACAGCAC	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
25 TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	AAAGATATGG	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGGCAGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
GCTTGACAA	TGAAACCTG	ACCTGCTGC	ATTCCTTTG	CTTCCACAC	CACTAGCTTC	600
TTTGAATCT	TGGGGTGGGG	GTCATCTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTGAGT	660
GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
30 GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAA	TGTCAGTTTC	AAAAAAA	777

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5 CCGGATTCCG CCCCGCCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60
 GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120
 CCGTTGCAAA CATTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCTGA AATGAGTTG GTGATTAGAA 180
 10 ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240
 GGAGGATTT AGGAGTGCAG AAATTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAAGAATA 300
 TTCAGCACAT TAATAGAACAT TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTT 360
 CATTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTCCA GATGACTACA 420
 ATTTGGGAGA CATTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG 480
 ATTACAATGA CGTCCTGACT G 501

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1104 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40 ATTTTGACCC TAAACTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGGAATCCA 60
 TGAAACCTTT AACCTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GTTCCCAGC GCAAAGAAGG 120
 CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCTT TACAATACAG 180
 CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTT CAGAAGATTG TGATTCAAGCC TCTACTAAAG 240
 45 TTGTCATCCG TGGAGCAGGA AACCAAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAGG 300
 AAAGAATTGCG TAAGCTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAACCT GGAGTTTTG 360
 TTGCAACCT GACGGAATGG AAACGACAGA ATATAACTAA CCAACTGGAA AAATGGATGA 420
 AACTCAATGT AGAAGAGGGG CTGTATAGCA GAACCCCTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC 480
 CTCTGCTTAT CGTATTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC 540
 50 ACCTTGGTTC CAGTGTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGAAAGGCT GCCAAGTTAC 600
 TCCATTGGAA TGGACATTG AAGCCATGGG GAAGGACTGTC TTCATATACT GATGTTGGG 660
 AAAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTCAACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA 720
 TCTCAAACAT AAAAGTGAAC AGAATTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCCTG 780

GAAGATAGCA TCGGTGGAA GTAACAGTT CTAGGCTTCA ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840
 ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAGA TGACAAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900
 CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960
 ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT 1020
 5 AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAAACT 1080
 TACATTTTC AAAAAAAA AAAA 1104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 810 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTT	ATCATCCACA	GCAATCCCCT	CTGGTTGGGA	GCAC TGCTCT	GGGTCTCACA	60	
CTGCCCTCC	TCTATCCTAG	GGAGCCTGAG	GCCCAGGGGT	GGAAAGATCC	AGTTGC GG	120	
35	GGGGGGTAGT	GAACCGTGCA	GGATAATGAA	AGCAACTTGC	TTTGGAAATG	ACCTACCGCT	180
ACCCGTTGTC	TGAGACTGAG	ATTATCTCAG	ACTGTCTCT	GGCTTCTGCC	AAAACACTCC	240	
CTTAACAGAA	AGCACCGAGG	GGATGGGGGT	AGGGGGGTTG	GGGAGAGTGA	GGCTTGAGTG	300	
TGAAGGAAGT	CTCATATATG	CAGAGCTGAA	ATCTCCCTCT	TTGTATGTCC	ACACTTTGT	360	
CTTGTCTCT	AGACTGATTC	TTGCTATTCC	AAATCCTCTT	CCACGTTGAC	AGCCCTTCAG	420	
40	ATATTCAAC	ACTCCTCTCA	GCATCCTCCA	CTTCCCCCAT	CTCTCCAAGC	TGAAC TTGGT	480
TCACAGGGTG	GGATTGTGTA	TGTGCATGCA	GGAGGTGGGG	GTGGACAGTG	CCCTGGGCTG	540	
GAATCCCCCT	TAGTTCTAAG	TGCCTCCTTG	CCCGCAGCTT	CGAGAGCTGT	GCCCAGGGAGT	600	
GAACAAACAG	CCCTACCTCT	GTGAGAGTGG	TCAC TGCTGC	GGGGAGACTG	GCTGCTGCAC	660	
CTACTACTAT	GAGCTCTGGT	GGTTCTGGCT	GCTCTGGACT	GTCCTCATCC	TCTTAGCTG	720	
45	CTGTTGCGCC	TTCCGCCACC	GACGAGCTAA	ACTCAGGCTG	CAACAACAGC	AGCGGCACGT	780
GGAAATCAAC	TTGTTGGCCT	ATCATGGGGC				810	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 826 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAAATCAT	GGCAACTACA	CAGGATGTTG	CTTACCAGGA	CGGAGTTTG	GTATCTTAGT	60
ACTGAAGTTA	GCACATATGTT	TACATGCAA	AGATTAAGGA	AAAAACCCCTT	AAAGTGGACA	120
GGTATCCAAA	GTTCATTTTC	TGTGACTCAT	CAAAGTGACA	AAAGACTTGT	AACAACCTTG	180
CCTGGACTTT	TTTCATTTA	CAACAGTTCA	TCCATTACCA	ATGATTTGT	TCTCTGCTCC	240
25 ATATTTTTA	ATCCCCTTAAG	CATTGATGA	AACACTCTT	AGTGCTATAT	GCATTTCTT	300
ACTTTGTTA	AAAATGTGAC	AATTGTCAAA	AAATGCACTA	AAATGTAAT	GGAGATTGAA	360
CAAGTTCACT	TTCCAGCTTA	TAGGCAACTT	TATACAGACT	TGACACATTT	CTCCAGTTGT	420
TTAGTAAAAG	TGAAAGAGAA	AGGGTTTTC	CTGCCACAGG	ATATAACTTT	TTTTTATATA	480
30 ACAAGCATAA	CACACCACTG	CTTTGGTGG	AAAAGTGCAG	AATAGTATGT	ACCTTTATG	540
AAGAAAAATG	TAATTTACAA	TATTCAGTGA	GAATGTTACT	GCTGATTTTC	TTTTCCAAGG	600
TGTAGAATAT	TCTTGATT	ATAGAATTCA	TTTTTGACCC	AGATGATGGT	TCCTTACAG	660
40 ACAATAAAA	TGGCTGAACA	TTTCACAAA	TAGAGTGTAA	CGAAGTCTGG	ATTTCTGATA	720
CCTTGTCAATT	TGGGGGATT	TATTTTACTT	TGTTGCTTA	AAATTCAATG	CAGAGAAGTT	780
GTTGACTGTAA	GGGGAAATAA	AGTTAATTCA	AATTTGAAA	AAAAAA		826

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 578 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

10	GTTCTTAACT GTTCCATTTC CCGTATCTGC TTCGGGCTTC CACCTCATTT TTTTCGCTTT	60
	GCCCATTCTG TTTCAGCCAG TCGCCAAGAA TCATGAAAGT CGCCAGTGGC AGCACCGCCA	120
	CCGCCGCCGC GGGCCCCAGC TGCGCGCTGA AGGCCGCAA GACAGCGAGC GGTGCGGGCG	180
	AGGTGGTGCG CTGCTGTCT GAGCAGAGCG TGGCCATCTC GCGCTGCGCC GGGGGCGCCG	240
	GGGCGCCCT GCCTGCCCTG CTGGACGAGC AGCAGGTAAA CGTGCTGCTC TACGACATGA	300
15	ACGGCTGTTA CTCACGCCCTC AAGGAGCTGG TGCCCACCCCT GCCCCAGAAC CGCAAGGTGA	360
	GCAAGGTGGA GATTCTCCAG CACGTCATCG ACTACATCAG GGACCTTCAG TTGGAGCTGA	420
	ACTCGGAATC CGAAGTTGGA ACCCCCCGGGG GCGGAGGGCT GCCGGTCCGG GCTCCGCTCA	480
	GCACCCTCAA CGGCGAGATC AGGCCCTGA CGGCCGAGGC GGCAATGCGTT CCTGCGGACG	540
	ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC	578

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 799 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

45	AGCTTTGTT CACACTTAA ATAGCAGTCC CAGAATGATT TCACTACAGA CTCTCTGGAA	60
	AGCCTGGAG CTGAATTCCG GAAGATCCCC ACATCGATGA AAGCAAAGCG AAGCACCAAG	120
	CCATCATCAT GTCCACGTG CTACGAGTCA GCCCATCCAT CCATGGCTAC CACTTCGACA	180
	CAGCCTCTCG TAAGAAAGCC GTGGGCAACA TCTTGAAAA CACAGACCAA GAATCACTAG	240
50	AAAGGCTCTT CAGAAACTCT GGAGACAAGA AAGCAGAGGA GAGAGCCAAG ATCATTTTG	300
	CCATAGATCA AGATGTGGAG GAGAAAACGC GTGCCCTGAT GGCTTGAAG AAGAGGACAA	360
	AAGACAAGCT TTTCCAGTTT CTGAAACTGC GGAAATATTC CATCAAAGTT CACTGAAGAG	420

AAGAGGATGG	ATAAGGACGT	TATCCAAGAA	TGGACATTCA	AAGACCAAGT	GAGTTTGTGA	480	
GATTCTAAC	GATGCAGCAT	TTTGCTGCTA	CCTTACAAGC	TTCTCTTCTG	TCAGGACTCC	540	
AGAGGCTGGA	AAGGGACCGG	GACTGGAAAG	GGACCAGGAC	TGAACAGACT	GGTTACAAAG	600	
ACTCCAAACA	ATTTCATGCC	CTGTGCTGTT	ACAGAGGAGA	ACAAAATGCT	TTCAGCAAGG	660	
5	ATTTGAAAAC	TCTTCCGTCC	CTGCAGGAAA	GGATTGACGC	TGATAGAAGA	GCCTGGACAG	720
ATGTAATGAG	AACTAAAGAA	AACGATGGCT	GGAGATGACA	TTTATCCAGG	GTCACTTTGT	780	
CAGGCCCTAG	GACTTAAAT					799	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1743 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

AATTTATTTT	TTTTTCATGG	TCTGTCAGGT	TTTATTATA	GACTCTGGTG	AACTTGAAC	60	
35	AGAGAAAGCT	GCAAAAAGTG	GTGTTGGAGAG	CATGGCAGGG	CCATGGAGAA	GGGCTAATAG	120
AAGCAGGTCC	CTTGCCCCAGA	CCCTCAGGG	GCCCCTTTGG	TGGATAGCGG	ACACCTGAGG	180	
CAGGAGGTGG	CAGGGGCCAA	GTCCAGGCAG	GCAGCAGCAG	GGCTGCAACT	GAGAGCTGAG	240	
GCTGGAGAGG	TAGCGCTCGC	CCTAACCTGA	TCCTGCAGGT	CTCAGGCCCT	GGGGTCATAT	300	
ACTCGCCCCA	TGAAGACAGG	GAACTTGTGC	TGCTGGTCCC	AGAGCACGAA	GAGGAAGGGC	360	
40	TGCTGCACTT	CAAAGACCAAG	CAGGGTGCAG	GCCACAGAGA	TGGCGGAGGC	TGCAGCCGCC	420
TCCACCCCAG	TCTCTGTCA	TTCCAGCACT	GTCTGGTGCT	GCATCGCAGA	AACCTGAAGA	480	
TCTGGGTCC	CTGTCAGCCC	ACACAGGTTA	AGGTCTATAAG	AAAAATCGAA	GAATTCCAAT	540	
TTCTCCATGA	TTGAGAGCAT	ATCCTGGCTG	GTCGTCACCT	TGATGCGGGG	TAGTGTAGG	600	
45	AGAGTGGGCT	GGAACTTGGA	CATCTCCAGT	TTCTCCATGA	TGGCCTTGAA	AACAGAAGGG	660
CTGAGAGCCT	GTTCCATGTC	TTCAAGACGA	TGTTTCAGGT	TCTGGGGTAC	CAGGATCACC	720	
AAACTCAGAT	TGTGGGAGAG	CTGCAGCTGC	CCCACCTTGG	CTTTCAAAGT	TTGGTCAATG	780	
AAATGGGCCA	CAGGGTACTT	CTTGCTATTG	ATCATGGGCA	CTTTTATAAC	TGAGTTTTG	840	
AAGTGAAGAG	GTTCCATTCT	GGTTTCTTG	GGATCAAATG	TTGTCTCCA	CTTGGCACTC	900	
50	AGGTAGATAG	CATTGAGGAG	GACAAGGCCG	GTATCGGAGG	GCAGACTGTC	TAGCAGCCGG	960
CTGATCTTGT	TGTTGGTGT	CTTGGCCACC	CAGGTGTTGA	TGAGCTCAA	AGTTGAATAG	1020	
CAAGAAGTAC	CCTGTGGCCC	ATTCATTGA	CCAAACTTG	AAAGCCAAGG	TGGGGCAGCT	1080	
GCAGCTCTCC	CACAATCTGA	GTGGTGTGAT	CCTGGTACCC	CAGAACCTGA	AACATCGTCT	1140	
TGAAGACATG	GAACAGGCTC	TCAGCCCTTC	TGTTTTCAAG	GCCATCATGG	AGAAACTGGA	1200	

GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCCTC ACTAAAGTGA CGACCAGCCA1260
 GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTCTTATG ACCTTAACCT1320
 GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTCA GGTTTCTGCG ATGCAGCACCC AGACAGTGCT1380
 GGAACTGACA GAGACTGGGG TGAGGGCGGC TGAGGCCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440
 5 CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTC CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500
 GTTCCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCAGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560
 TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620
 TGGAATTGGC CCCTGCCACC TCCTGCCCTCA GGTGTCCGCT ATCCACCAAA AGGGCTCCCT1680
 10 GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740
 GGC 1743

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60
 CTCACCTGCC CCCACCCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120
 CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGCCATACT CCAGTGCCAT 180
 40 GGGGAGCTGG ACCCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240
 TCTGTGTCA CACCTGCCAG GTTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCA GCACAGCTCC 300
 TGTCCCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360
 CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420
 ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCTCACC CTTCTGACC TGTCCCTTTTC 480
 45 CCACAGGCCT CTGGGGGCAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGC CTTCTTCCT GGCCTTAGCC 540
 ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGGCGGGC 600
 CCCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660
 CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCCTCTG TGACCTCAGG 720
 GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCCCT GCCCCAACTG ATTCTGCCA GATAATCGTG 780
 50 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840
 TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCCTGG TGAGGGAGGTG GAGCCTTTG 900
 AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGAGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960
 CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTCAAGG TCTCCCCCA1020

GCTGTCTCAC CCCCACTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080
 GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGTC CTGGATTCCG1140
 ATAAAATTAA AGAAATTGCT TCCTCAAAAAA AAAAAAAA AAA 1183

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

30	GTTCAGTACCA CACATTTAAT GAGGAAAAAA TGTTTTACCA ATGAAGGAGG AATTCTTAAA	60
	TTAGCTGTAA TGTTAGGTTG GAGAAAATTG GGTATTTAGG GTATTTCAA GGTACCATCA	120
	AATCAGATT CTGTTTTTT GTTAAAAAAA ATTTTTTAA TCAGTATTGT TTTTACAAGT	180
	AATATACTTT GAAACTCTTG AACTAATAGT CTCAAAACT CTAGAGGACA GTCTGAGAAC	240
35	ACGTATTTCT ATTGTTCTAA ATAATACAT GTTTTGAAAT AGTTCAATCA TGAATTATTG	300
	ACTATGTCTT CATCAAAAGT GTTAATCCCT CTCAGGGTCT CTGGTGAAGA CCTTCAAGAG	360
	TTTGGTTTT TCTCCCAGGA AATTGGAAGG TAGAATTGTA AATTCATAGA ACTTCTTTA	420
	TAATGGTGTAA CCTCAGCAGC TGCCTTCAA TTTATGCCAA GTCCTTACAG AGTTTATACT	480
	TGAATAGTAA ATATGTCTTC TGAGTTTAC AGTGTCTTAA ACTCAATGCA CATTTTTTT	540
40	TCTTCTTTT CCACCCCTTC TTGTTTGTAG TTCATTATAC CTGTCCTATT ACAGAACTGA	600
	TTTCCTTCCT GGCTGTACAT GTTGGGGTGC TGGATTTTT TCCGTGTCTT TAGTCTCGG	660
	ATACATGTTC TCTTCTTAG CTTGTGGTGA ATACAGTAAT TTGCATTG	720
		768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

CCCTGCTGTG	AAGTCCTGGC	AGGTGTTGGT	AATGTGTGGA	AATGCAGTC	GCAAGTTGC	60
TGGGGAGTTT	GATAAAAGTA	TAAAACAAAA	CAAAAAAAGC	CTCGGTATAA	TTTTGTTCCA	120
20 CGACTTCTTC	TGTAGCTTTA	CACCAGAAGG	AAGGAATGGG	CTACAGCAGG	TAGTGAGGA	180
AGAGGGGGGT	GAGCAGGTGT	ATTAAAATAG	CTTACGGTA	AGGCCTAAAA	GGTCACCCCT	240
CGGCCCCCTC	TCCAAAAGAA	GGGCATGGGC	ACCCCCAGGA	GAGGATGGCC	CCAAAAACCT	300
TATTTTTATA	CATGAGAGTA	AATAAACATA	TTTTTTTAC	AAAAATAACT	TCTGAATTAA	360
TCAGTGTGTTT	GCCGTTAAAA	ATATTCTCT	ATAGTAAATT	ATTATTGGA	AGATGACTTT	420
25 TTTAAAGCTG	CCGTTTGCT	TGGCTTGGTT	TCATACACTG	ATTATTTTT	CTATGCCAGG	480
CAGTAGAGTC	TCTCTGCCCT	TGAGGAGCAG	GCTACCCGCA	TCCCACTCAG	CCCCTCCCTA	540
CCCCTCAAGA	TTTGATGAAA	ATTCCAACCA	TGAGGATGGG	TGATCAGGG	AAGGGTGAGA	600
AGGAGAGCCT	GCCTGCTAG	GGATCCAGGC	TCGTAGAGTC	ACTCCCTGCC	CGTCTCCAG	660
AGATGCTTCA	CCAGCACCTG	CCTCTGAGAC	CTCGCTCTCT	GTCCAGCAA	CCCTGGTTGG	720
30 GGGTCAGAC	TTGATACACT	TTCAGGTTGG	GAGTGGACCC	ACCCCAGGGC	CTGCTGAGGA	780
CAGAGCAGCC	AGGCCGTCCT	GGCTCACTTT	GCAGTTGGCA	CTGGGTTGGG	GAGGAAGAGA	840
GCTGATGAGT	GTGGCTTCCC	TGAGCTGGGG	TTTCCCTGCT	TGTCCAGTTG	TGAGCTGTCC	900
TCGGTGTAC	CGAGGCTGTG	CCTAGAGAGT	GGAGATTTT	GATGAAAGGT	GTGCTCGCTC	960
35 TCTGCGTTCT	ATCTTCTCTC	TCCTCCTTGT	TCCTGAAAC	CACAAGATAA	AGGTAGTGGT	1020
GTGTCTCGA						1029

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 736 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

10	ATTCCTGGGT TGAAATATTG TGTAGGGATT GCTTATTATA TTATTTAGC TGATGAACCT	60
	CAGGACAACG GCTACAGACA CACACATACA TACACGCACA CAAAATCTCA GCTGTTGAAG	120
	AGTGGGCTTG GAATCAGACT TCTGTGTCCA GTAAAAAAACT CCTGCACTGA AGTCATTGTG	180
	ACTTGAGTAG TTACAGACTG ATTCAGTGA ACTTGATCTA ATTTCTTTG ATCTAATGAA	240
	TGTGTCTGCT TACCTGTT CCTTTAATT GATAAGCTCC AAGTAGTTGC TAATTTTG	300
15	ACAACCTTAA ATGAGTTCA TTCACCTTCTT TTACTTAATG TTTAAGTAT AGTACCAATA	360
	ATTCATTAA CCTGTTCTCA AGTGGTTAG CTACCATTCT GCCATTTTA ATTTTATTT	420
	AATTTTATTG CCTTGAGCAC ACTGATCAAC CACTGAACGT CCTTCTCCA TTGTCTGCA	480
	ATGATATAAG GGTTACATT TTGTGTATAT GGCTTCATA GTTGGGATT CAGAGCACTG	540
	ATACCAGATA TTTTCAGTTT GTTCTCTGGG GGAATTTCAT TTGCATCTAT GTTTTAGCT	600
20	ATCTGTGATA ACTTGTAAA TATTAAGG ATATTTGCT TCTATTGGAA CATTGTATA	660
	CTCGCAACTA TATTCTGTA AACAGCTGCA GTCAAAAATA AAACACTGAA AGTTTCATT	720
	TTGCAGTGGAA AAAAAAA	736

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1159 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

50	GGACCGTGTG TCGGCCGTGG CGCTGCCAA GCTGCCCATC TCGCTCACCA ACACCGACCT	60
	CAAGGTGGCC AGCGACACAC AGTTCTACCC TGGCCTCGGG CTGGCCCTGG CCTTCCACGA	120
	CGGCAGCGTC CACATCGTGC ACCGGCTCTC ACTGCAGACC ATGGCCGTCT TCTACAGCTC	180
	CGCGGGCCCCG AGGCCTGTGG ATGAGCCGGC CATGAAGCGC CCCCGCACCG CGGGCCCCGC	240

	CGTCCACTTA	AAGGCTATGC	AGCTATCGTG	GACGTCACTG	GCCCTGGTGG	GGATTGACAG	300
	CCACGGGAAG	CTGAGCGTGC	TCCGCCCTCTC	ACCTTCCATG	GGCCACCCGC	TGGAGGTGGG	360
5	GCTGGCGCTG	CGGCACCTGC	TCTTCCTGCT	GGAGTACTGC	ATGGTGACCG	GCTACGACTG	420
	GTGGGACATC	CTGCTGCACG	TGCAGCCCAG	TATGGTACAG	AGCCTGGTGG	AGAAGCTGCA	480
	CGAGGAGTAC	ACGCGCCAGA	CCGCTGCCCT	GCAGCAGGTC	CTCTCCACCC	GGATCCTGGC	540
	CATGAAGGCC	TCGCTCTGCA	AGCTGTCGCC	CTGCACGGTG	ACCCCGCTGT	GCGACTACCA	600
10	CACCAAGCTC	TTCCTCATCG	CCATCAGCTC	CACCCCTGAAG	TCGCTGCTGC	GCCCCCCTT	660
	TCTCAACACG	CCTGACAAGA	GCCCCGGCGA	CCGGCTGACC	GAGATCTGCA	CCAAGATCAC	720
	CGACGTCGAC	ATTGACAAGG	TCATGATCAA	CCTCAAGACG	GAGGAATTG	TGCTGGACAT	780
15	GAACACACTG	CAGGGCGCTG	CAGCAGCTCT	TGCAGTGGGT	GGGCGACTTC	GTGCTGTACC	840
	TGCTGGCCAG	CCTACCCAAC	CAGGGTTCCC	TGCTGAGGCC	GGGCCACAGC	TTTCTGCGGG	900
	ACGGCACCTC	GCTGGGCATG	CTTCGGGAAT	TGATGGTGGT	CATCCGCATC	TGGGGCCTTC	960
	TGAAGCCCAG	CTGCCTGCC	GTGTATAACGG	CCACCTCGGA	TACCCAGGAC	AGCATGTCCC	1020
	TGCTCTTCCG	CCTGCTCACC	AAGCTCTGGA	TCTGCTGTCG	CGATGAGGGC	CCAGCGAGCG	1080
20	AGCCGGACGA	GGCGCTGGTG	GATGAATGCT	GCCTGCTGCC	CAGCCAGCTG	CTTATCCCCA	1140
	GCCTGGACTG	GCTGCCAGC					1159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 690 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

	AGAGCGGCCG	CCCTCTTTT	TTTCTCTTC	TTTTTTTTT	TTTTGCATA	TCAGAAATGC	60
	ATTTTAATT	TTATTGAAA	ACAACCTAAA	TTTTAGACA	AATGATTAA	GTATATAAA	120
45	TTGCTTTGT	TTTATACAG	AATATAAAGA	TTCCCTCAT	TAATCTTCA	TGTGAAGGGT	180
	ATTACAAGCC	TGGAGGAAGA	TACTTCTGC	ACACAAGTAT	GTATCTTATG	TGTGCAGTAT	240
	TGGAAACCAA	TGGTGTAGTG	CTCCTACACA	TAAATGGGTT	CAAGTGACAT	CACAAATTAA	300
	AAGGGGGAAA	GAGAAATATT	CTAGTTAAC	AGATGCAAGA	AGCAAACAAG	ACGAAAAAAC	360
	TGTGAAATA	AGACCAAGCC	AGTAACCTTA	GTTACGACAC	TGCAGATTAC	ACTGGAATAA	420
50	CAGGTTGTG	AGGCTATAGT	GTGCACCACA	TTAAAACAGC	AAGAAAGAGC	TATTTATATA	480
	GAAAGGCTGG	AATGAGGGAT	TTTACTAAA	GCAAATTAAC	TTCTGTCAA	CTGCCAAAC	540
	AAAACAAAAC	TGAGCATATG	AGTGTAGTA	TACTGAAGGC	ATGTTATACC	AGTTCTGTG	600
	CAGCATGCTA	AAAGTTAGAA	CTTCTTCACT	GGTGCTTATC	AATCATTAAT	AGTCACGTT	660

TTGCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1186 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

ACCATAGATT TATTTAAAAA GGGAAAATCT CACACATAAT TAAGCAGTGG AAAATGTGCT	60
CAATGCTATG GTGCGTCAGG CCCTCTGTCT ACCAGGTTTC TCCCGCTTTC TGCAGAGCTG	120
TGGACCTGT ACCTACCAAA CAGGTGAAC TGGTCCATCT TTCCCTCTTC CTTTTTTTGC	180
ACATTGCTAT TTATATCTTC CTGTAACAAA AGAAACAAAT TATTTATAAT TGGGGTGACA	240
ATATAAAGGA ACAAAAGATG GGGCAATAGT TGCTTCCTAG CTGGAGCTGT AAGTCCATGT	300
TACAGAAACT CACTATTTAA AAAGTTTAA AAGATTATG AACCTTGTCC TACAATTGCG	360
TGAATACTTA TTTGTCTTT AAACCTCCCCT CGGTGTATGG ATCATCTTCG TCAGAACATGCC	420
GTTGTTTCAT TGTGAATCAG GGGAAAATGT TAATCATTG GAGACTGTTT TCTTATTACC	480
AAATGTACAA TCCATAAGAC AACTGAAAGC ACAACTGCT GGGTTCACTG ACAAAAGATTA	540
TAAAATCAT CACGTTCAA GTAGAGTTT TAGCCAAGGT CAAGAACTAA CCTGGGGCTG	600
AGTCAGCGTC TCTACCCACT TAAATAACAG CGTAAAGATC TTTCACTAAA TTCGTTATGT	660
GGTCTGTCTG GATGTAAACC TATATATTTC CTTTTGAAAC AGAATCATAT CCTGCAGACT	720
40 CTTGGCACTC CTGCATAGCT TTGACCGAAT GTTCACTCTC ATCGTAATGG AAGATTCTA	780
TCTATGCAGA TAATACATGT TTTAAATAC TGTGTTCTGT TTAGTCCTCA ATCTTCCCAA	840
CTCAAATTGG GGACTGAGGA GAGAGAAAGG TGGTTACCCC TGTTACCGTG CCATATTCTT	900
CTTGCTGCTT TTCAACCCCA CGTGATTGTT GATTGACGGT TCTGCTATAA TGTGCGTGCC	960
CTTCAAGTTT CAGAAAACCT TCCCCATCAT TTCACTTCAA TCTTAATTGA ACCCAAGAGT	1020
45 CAAAGTTATT ATTTTCTCCG AACGTGTTTG TGATCTTCTG TTATATTTG GGGCATGTTA	1080
CCTTTATGGT ATATAAGCTG TAGTGCATAC TCTTTGTATT GCAAAAAACT GGTCAGTAAT	1140
TTATGTACAT GTATTCCACA TTTAGTGTG CTTGAAGTGA CAATCC	1186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

GGGAGAAGGA	GGAGGCCGGG	GGAAGGAGGA	GACAGGAGGA	GGAGGGACCA	CGGGGTGGAG	60
GGGAGATAGA	CCCAAGCCAG	AGCTCTGAGT	GGTTTCTGT	TGCCTGTCTC	TAAACCCCTC	120
CACATTCCCG	CGGTCCCTCA	GACTGCCCGG	AGAGCGCGCT	CTGCCTGCCG	CCTGCCTGCC	180
25 TGCCACTGAG	GGTTCCCAGC	ACCATGAGGG	CCTGGATCTT	CTTTCTCCTT	TGCCTGGCCG	240
GGAGGGCCTT	GGCAGCCCT	CAGCAAGAAC	CCCTGCCTGA	TGAGACAGAG	GTGGTGGAAAG	300
AAACTGTGGC	AGAGGTGACT	GAGGTATCTG	TGGGAGCTAA	TCCGTCCAG	GTGGAAGTAG	360
GAGAATTGTA	TGATGGTGCA	GAGGAAACCG	AAGAGGAGGT	GGTGGCGGAA	AATCCCTGCC	420
AGAACACCACCA	CTGCAAACAC	GGCAAGGTGT	GCGAGCTGGA	TGAGAACAAAC	ACCCCCATGT	480
30 GCGTGTGCCA	GGACCCCACC	AGCTGCCAG	CCCCCATTGG	CGAGTTTGAG	AAGGTGTGCA	540
GCAATGACAA	CAAGACCTTC	GACTCTTCCT	GCCACTCTT	TGCCACAAAG	TGCACCCCTGG	600
AGGGCACCAA	GAAGGGCCAC	AAGCTCCACC	TGGACTACAT	CGGGCCTTGC	AAATACATCC	660
CCCCTTGCCT	GGACTCTGAG	CTGACCGAAT	TCCCCCTGCG	CATGCGGGAC	TGGCTCAAGA	720
35 ACGTCCTGGT	CACCCCTGTAT	GAGAGGGATG	AGGACAACAA	CCTTCTGACT	GAGNAAGCAG	780
AAGCTGCGGG	TGAAGAAGAT	CCATGAGAAT	GAGAAGGCC	TGGAGGCAGG	AGACCACCCC	840
GTGGAGCTGC	TGGCCCGGGG	CTTCGAGAAG	AACTATAACA	TGTACATCTT	CCCTGTACAC	900
TGGCAGTTCG	GCCAGCTGGA	CCAGCACCCC	ATTGACGGGT	ACCTCTCCCA	CACCGAGCTG	960
GCTCCACTGC	GTGCTCCCT	CATCCCCATG	GAGCATTGCA	CCACCCGGTT	TTTCGAGACC	1020
GTGACCTGG						1029

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 985 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

15	ATCACTCTT CTCAGCTCGA CTGGAGTTTC TGCACCTTG CAGGGGCAAA GTAAGTCCCT	60
	GCACCCTGAA CCACCCCCCA TTCTGTTCA TTTCAGCAGA TAATGATGGA GGGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT GCTGAGGGTG TGACCGCAAG AGGGTGAAAA CTTCCAGCCA ACTTTCTCAG	180
	TCCTTCTCT TGCGAGAGGG AAGCCACCTG CTATACAAAC TAATACCCCC TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC GACTCAGTTG ACAGAAGGAT ATACTTGTT ATAACATTATT ATTTGTTCT	300
	CTGTAAATAC AAGATGTTA TAGGAAATAT GTATTCTGAA CTCTATCTGC AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA AATAGTTCTA TTATTTAGAA TGTGTTAATT TAAAGGGAC CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA TATGCGATCC ACATTTGTGT GAAAGCATGT GATCATACTA ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC GCTGTACGAT GATTGATGTC TTTTCTCAG TCCATAGTTA CAATTGTTA	540
	GTATGCTAAT CAGTCCAGTT CCCTGAGGTT TAAGATCAAA TATAAATTAC TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA GGTAGCATTG TACCTGAACC TGATTGCTAC TTTTCATCT TAAATATTAT	660
25	ATTTCTCAT CTAATCTGCC TTCCCCTCAT CCACAGACAT TTGGAGAAGG AAATGGGAGG	720
	GTGTCGTAA TCCCTTTCTC TTTGCTTTGT CCCCGTTGTT AGACTGGCAG CGTCAGTTGC	780
	TGGTGGGCT TGGTTAGAGC CGTGGGTGAG GCAGGTGGCT GGCGGGGACA GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG TGGTGGCATT TACTGCTCTG ACACCTCCAC TGTCCCTGCT GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC CTGTGGGCC TGTGAACCTGC ACAGCCAGGA GCAAGGAACC CACTAAATAC	960
30	TCCGTCACTG CATGTCCCT CTACA	985

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 622 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

ATGTTTTCA TTTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA 60
 TTTCATAATG TGGATTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTA 120
 GTGTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTCA 180
 AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG 240
 10 CTCAAATTG ACCAACTCAG TTTAACACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAATGAA 300
 GAGAGTTTCT AGTTAATGG GTTAAATT TTGTGTTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT 360
 ATAATATTTC TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTTGAAGA TTACTTTGTT 420
 AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTAAAT 480
 CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC 540
 15 TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT 600
 TAGTAACAAA AAAAAAAA AN 622

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1129 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

GATTTTTATC TAGAAACTAT ATTTACTTAA ACCCCCCCTCA GGAAAGAGGT TTTAAAATCA 60
 AAGATGGAA AATCGGAGAA AATTGCCCTT CCCCATGGCC AGCTTGTCA TGGTATACAC 120
 45 TTGTATGAGC AACCAAAGAT AAACAGACAG AAAAGCAAAT ATAACCTGCC ACTAACCAAG 180
 ATCACCTCTG CAAAAAGAAA TGAAAACAAC TTTTGGCAGG ATTCTGTTTC ATCTGACAGA 240
 ATTCAAGAGC AGGAAAAAAA GCCTTTAAA AATACCGAGA ACATTAACAA TTCGCATTTG 300
 AAGAAATCAG CATTCTAAC TGAAGTGAGC CAAAGGAAA ATTATGCTGG GGCAAAGTTT 360
 AGTGATCCAC CTTCTCCTAG TGTTCTCCA AAGCCTCCTA GTCACTGGAT GGGAAAGCACT 420
 50 GTTAAAATT CCAACCAAAA CAGGGAGCTG ATGGCAGTAC ACTTAAAAAC GCTCCTCAAA 480
 GTTCAAACCTT AGATTTCTAGA TTTCAGTATG TGTGTAAAAC ATAATTTTC CCATATCCCT 540
 GGACTCTTGA GAAAATTGGT ACAGAAATGG AAATTTGCCT TGTGCAACA TACAATTGCA 600
 AAAGATGAGT TTAACAAATT ACATACAAAC AGCTTGTATT ATATTTATA TTTTGAAAT 660

ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTGT 720
 TATGAAAGTA TGTATTTGC CCTGCCACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780
 AAATTTAAG TGTGTGCTAA GGACATGGA AGACCGATTT TATTTGCACA AGGTACTGAG 840
 ATTTTTCA AGAACAGCT GTCAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTAC 900
 5 TAATGCACTA CTGAAGTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTCT 960
 CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTT TGCTAAACTC1020
 AATTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTAA ATGCCAACAA1080
 AATTGGTTGT AATCAAATT TAAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCCTT 1129

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

35 CACACTGAGG GTTTTAACA CCATTCTCCC CCACCTCTCT CCTGGGTGAC ATAAGAGAGA 60
 AATAACCTGT AGTACAGCAG CTAAAGTATT CTCCCTTCAG AGAATTTTT TGGAGGTCTC 120
 TAATATATAT TTCCCCCTTG TCTCTGTGAT CTCTTATTAA TACTATATTA TTGTCCCAG 180
 TACTTCTAA ACTGAGCTTG GAACATTTAG TATTCTGCA ATTGGACTTC CCACTTAACA 240
 ATTATACAGA CTTTGCTTT AGAAATAGAT TAGGTTCAA ACAGAAAGTT CAAGTGTAAAC 300
 40 AACACAACA AAAATAGATT ATGAAACAGG CTATAATTGG CTCTTTGGA TTTGATAGGG 360
 GCAAGATGAA AGGCAACTTT CTTGCTTTG AAATCATGTT GGGTAAGAGG TAAGGAATCC 420
 AGCTACAATT TTATTAGTGC TTGAAACGGG CTTCCTTGAA TTCTCCAGGC CCTATCATTT 480
 TTTTTTTCT TACTAATCAG AAGAGAGCTG GGGTAGAAGC CCCATGTTG TATTCCATGA 540
 AACACGTCGG GTTGGAGTAA AGGCAAAAC AGCTAGACAC ACCAGGTGTG TCTGTTGAC 600
 45 ATTTATAAGC TGGCACTCAT CAACACTCCT GTTTCTCCTT TCTCTGGGAC GTGTGGATTA 660
 AGGGGTGTGA GTTGTGGAA GAATTGCCCT CGTACCTCCT GGATTATTA TTTTCTCAA 720
 ATACCAACCA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG TTTCCTGATC TGTCCACTTC 780
 TGGTGTCAA GATTTACTC ATCTCTTAG TACATTCTAT GTATTTATA TGTATAATT 840
 TATACAATTA AAAATAGATT TTTGTCTAGT GAAAAAAA 877

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1329 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

	GTCGGGGAGC	GCGGGGCCGG	GGCCCAGGGG	ACCCCGGGCC	ACGGAGAGCG	GGAAGAGGAT	60
25	GGATTGCCCG	GCCCTCCCCC	CCGGATGAA	GAAGGAGGAA	GTGATCCGAA	AATCTGGGCT	120
	AAGTGCTGGC	AAGAGCGATG	TCTACTACTT	CAGTCCAAGT	GGTAAGAAGT	TCAGAACCAA	180
	GCCTCAGTTG	GCAAGGTACC	TGGGAAATAC	TGTTGATCTC	AGCAGTTTG	ACTTCAGAAC	240
	TGGAAAGATG	ATGCCCTAGTA	AATTACAGAA	GAACAAACAG	AGACTGCGAA	ACGATCCTCT	300
30	CAATCAAAAT	AAGGGTAAAC	CAGACTTGA	TACAACATTG	CCAATTAGAC	AAACAGCATC	360
	AATTTCAAA	CAACCGGTAA	CCAAAGTCAC	AAATCATCCT	AGTAATAAAG	TGAAATCAGA	420
	CCCACAAACGA	ATGAATGAAC	AGCCACGTCA	GCTTTCTGG	GAGAAGAGGC	TACAAGGACT	480
	TAGTGCATCA	GATGTAACAG	AACAAATTAT	AAAAACCATG	GAACATCCC	AAGGTCTCA	540
	AGGAGTTGGT	CCAGGTAGCA	ATGATGAGAC	CCTTTTATCT	GCTGTTGCCA	GTGCTTTGCA	600
35	CACAAGCTCT	GCGCCAATCA	CAGGGCAAGT	CTCCGCTGCT	GTGGAAAAGA	ACCCCTGCTGT	660
	TTGGCTTAAC	ACATCTCAAC	CCCTCTGCAA	AGCTTTTATT	GTCACAGATG	AAGACATCAG	720
	GAAACAGGAA	GAGCGAGTAC	AGCAAGTAGC	CAAGAAATTG	GAAGAACGCAC	TGATGGCAGA	780
	CATCTTGTG	CGAGCTGCTG	ATACAGAAGA	GATGGATATT	GAATGGACA	GTGGAGATGA	840
	AGCCTAAGAA	TATGATCAGG	TAACCTTCGA	CCGACTTTCC	CCAAGAGAAA	ATTCCCTAGAA	900
40	ATTGAACAAA	AATGTTCCA	CTGGCTTTG	CCTGTAAGAA	AAAAAAATGTA	CCCGAGCACA	960
	TAGAGCTTT	TAATAGCACT	AACCAATGCC	TTTTTAGATG	TATTTTGAT	GTATATATCT	1020
	ATTATTCAAA	AAATCATGTT	TATTTTGAGT	CCTAGGACTT	AAAATTAGTC	TTTGTAAATA	1080
	TCAAGCAGGA	CCCTAAGATG	AAGCTGAGCT	TTTGATGCCA	GGTGCAATCT	ACTGGAAATG	1140
	TAGCACTTAC	GTAAAACATT	TGTTCCCCC	ACAGTTTTAA	TAAGAACAGA	TCAGGAATTC	1200
	TAAATAAATT	TCCCAAGTTAA	AGATTATTGT	GACTTCACTG	TATATAAACAA	TATTTTTATA	1260
45	CTTTATTGAA	AGGGGACACC	TGTACATTCT	TCCATCATCA	CTGTAAAGAC	AAATAAATGA	1320
	TTATATTCA						1329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:697 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

GTAGGGCGCTA	GTCTGGGCGC	AGAGGTTCT	GGGAGCCAAG	AGTGGTAATG	GCGTCTGTAT	60
20 GATCTTCGGA	GCCTGCTGCA	TCGGACCTCG	GCCAGTCATA	AAAGATGACA	ACAGCAGCCA	120
GGCCAACCTT	TGAACCTGCC	AGAGGTGGAA	GGGGAAAAGG	AGAAGGTGAT	TTGAGCCAAC	180
TTTCAAAGCA	GTATTCAAGC	AGAGACCTAC	CCTCTCATAC	AAAGATAAAA	TACAGACAGA	240
CTACTCAGGA	TGCCCTGAA	GAGGTTCGTA	ACCGTGACTT	CAGGAGAGAG	TTGGAAGAAA	300
GAGAGAGAGC	TGCTGCAAGA	GAGAAAAATA	GGGATCGTCC	AACCCGAGAA	CATACAACCT	360
25 CCTCTTCAGT	GTCAAAAAAG	CCACGGTTAG	ACCAGATTCC	TGCCGCCAAC	CTTGATGCAG	420
ATGACCCCTCT	ACAGATGAG	GAAGATGAAG	ATTTGAAGA	AGAAAGTGAT	GATGATGATA	480
CTGCAGCTCT	TCTTGCAGAA	CTGGAAAAAA	TTAAAAAAAGA	AAGAGCTGAA	AAGGCCAAG	540
GCCCAGGGAA	GGGACCAAGG	GCCAAAAAAAG	CTTTAAGGGG	GGGAAGGGTT	TCGTTTGGG	600
AAAACATTGG	TTGGGCGGGGA	AACCCTTCC	CTTTAATCTT	GAGCTTGGCC	CATTCCAAGC	660
30 TTAAGGCCGA	CTTGAAAAG	TTTGAAAGGA	GGGTGGG			697

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

5 CGAAGAAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCCT CCTGGATGGA 60
 AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120
 GAGCAGAGCA GCCATCTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180
 AAATGTTTG GTTAAGAAAA TTATTTGCT TTCAGTGTAA ATCTTCGAG TGTTCTAAC 240
 10 AAAGTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTCCC TCACGTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300
 CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360
 TCATGCAAAC ACCCTTCCTT CCTCCTGCAG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGC 420
 TTAAACAGTG CCAGCCCCCTG CCATCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCAG GCGTCCTCCA 480
 15 CCCACGCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540
 GGTCTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTGCTGG TTGCTCCTT TGAGCATATG 600
 CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTCT 660
 AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTGGG GTATGGAAA TTGTTGTGGT 720
 GTGTGGTAGG GTTTTTGTT TCTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT 780
 20 TTTCTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840
 TAGGAAGGCG CCTGCCCAT CTTGCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900
 CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960
 CAAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020
 25 GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080
 AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTGGG1140
 GGCTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAAGAAC TGGGGCAGGCC1200
 ACCATCAAGA AGCCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260
 GGGACTGCAT ATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGTTTTT TCCCAAAAAT1320
 GATTGTAGT TGTGTGTGCA GCACCTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAACCAA1380
 30 ATCTAATAT 1389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 535 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

	TGTATTGAGG TAATAAATTG TTTTACTGAC AATTTTCCT TTTTCTACAC TAAAACAATA	60
5	TGTGATATAT TTCCCTCTT GAAGAGGCAA TTCATTAAC TCTCAAATT TCTATAGAAT	120
	CAAGATAGAA CCTTTAGATA CTCCAECTA CCAAAATGTA AAAAAGCTAA CAAAATATT	180
	TGGTCTCAA TAATGCTAAA TATCTACATT TTTAGAATT ATCAACATT AACTAGATAA	240
	TTGGGCATGT CTTAATTATG CATGTACTTA TCCATACTAA TAAAATTGAC AATGCTAGTG	300
	CATACTTATT GGTTTAGTCC TATTATCAGG ATATAATCAT CTGTGAGGAG GATATTAA	360
10	ATACTGTAAA TGATAACAGT TAATGATATA CACATTTAGA CTGAGTTGCA CACTGGCAGG	420
	GAGACCAAAA ACATTACTTC CATACTTGTG TCATGATTCT TTTTTTTTG AGAGAGTCTC	480
	ACTCTGTCGC CAGGCTGGGA GTACAGTGGC ATGATCTCGG CTCACTGCAA CCTCT	535

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1098 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

	GTGATTTGAC ATTTGAACAA ATTAGGAAGC TGAATCCTGC AGCAAACCAC AGACTCAGGA	60
40	ATGATTTCCC TGATGAAAAG ATCCCTACCC TAAGGGAAGC TGTGAGAG TGCTAAACC	120
	ATAACCTCAC AATCTTCTTT GATGTCAGAG GCCATGCACA CAAGGCTACT GAGGCTCTAA	180
	AGAAAATGTA TATGAAATT CCTCAAAGTGT ATAATAATAG TGTGGTCTGT TCTTCTTGC	240
	CAGAAGTTAT CTACAAGATG AGACAAACAG ATCGGGATGT AATAACAGCA TTAACTCACA	300
	GACCTTGGAG CCTAAGCCAT ACAGGAGATG GGAAACCACG CTATGATACT TTCTGGAAAC	360
	ATTTTATATT TGTTATGATG GACATTTGTC TCGATTGGAG CATGCATAAT ATCTTGTGGT	420
45	ACCTGTGTGG AATTCAGCT TTCCTCATGC AAAAGGATT TGTATCCCCG GCCTACTTGA	480
	AGAAGTGGTC AGCTAAAGGA ATCCAGGTTG TTGGTTGGAC TGTAAATACC TTTGATGAAA	540
	AGAGTTACTA CGAATCCCCT CTTGGTCCA GCTATATCAC TGACAGCATG GTAGAAGACT	600
	GCGAACCTCA CTTCTAGACT TTCACGGTGG GACGAAACGG GTTCAGAAC TGCCAGGGC	660
	CTCATACAGG GATATCAAAA TACCCTTTGT GCTAGCCCAG GCCCTGGGAA ATCAGGTGAC	720
50	TCACACAAAT GCAATAGTTG GTCACTGCAT TTTTACCTGA ACCAAAGCTA AACCCGGTGT	780
	TGCCACCATG CACCATGGCA TGCCAGAGTT CAACACTGTT GCTCTTGAAA ATCTGGGTCT	840
	GAAAAAACGC ACAAGAGCCC CTGCCCTGCC CTAGCTGAGG CACACAGGGG GACCCAGTGA	900
	GGATAAGCAC AGATTGAATT GTACAATTG CAGATGCAGA TGTAAATGCA TGGGACATGC	960

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAACT TGCCACACTT ATTCAAATA TTTGTACTCA1020
 GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080
 GGAGCACTAA AGGAAAAA 1098

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

30	TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60
	ATGAAGGCAG CTTTCTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTAAA 120
	ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATT 180
	GTCATTTC TGTCTCTTCC TCACCATGG GTATCTATT CTTATATGTA AATAAGATAA 240
	GGTCATCTGA TAGCCTTATT CAGCTTCAT CATTTCATC ATTGTTCTA TGTAGATT 300
35	TGGACATTAA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAT CTGTAATGAA ATTAGCACTT 360
	TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAATAGC AAAATGTTG CTGTTATAA 420
	AAAGATGTAA TGGGGTGGGG GGCAGGGGTAA ATTTCAGTT ATTAAATTAA AAATGAACTA 480
	GCAATTGTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTGGT 540
40	ATGTAAAAAG GGGTTAGTGG TATTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACTCC CTCTGTGTCC 600
	TGTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTGAA ATTACAGACC TTACTGTAAA 660
	AAATAAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA ATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720
	TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAAAGAA CTTAATTGCG 780
	CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTC TCCTCATTTGG 840
	CCTGTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAAATGCA CACTTACAA AATTGATATT 900
45	TAACACTTAC CCACCCCCCT TTCCCCATCT CTTCTACCGC TCTGTTGAT CGTGGTATCT 960
	GATCTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020
	TACAAAAACA AGCCAGCAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTGCTTCC CTCTCTCCT1080
	AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAAGAT GAGTCATACA1140
	TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTC AAATTGAAAG CAACATCTTA1200
50	ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAAACAGGT GAGAAAAAAA TTTATAACTG1260
	TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320
	TGTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTGG TTTCTATTT1380
	TAACACTGAA GGAGTGAAG TATTCTCAT ATTATGAAT TTACTACTAA AATCTGGCA1440

```

AAAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTTG GGTGAAACT GTTAATCAAG TGTTCCTACT1500
CCCCCCCCGAA AATCCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560
ATTTCACTAT TATATAAAGT CAATAAAAAT GAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620
CAGAGGGGAA ATAATGAATA GTATTAAGA AACATTCTCG TCTTCCTTTA CCTTTAACCC1680
CTTAATACCT AGTCTACTTT TTAAATTTC AGACTTCACT GCTTTTGAA TTCATAATTG1740
TAATTTTCAC ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTAG TTATTCCCAT1800
GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTGTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- 15 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

30	CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPVCA ELQGQQFYSL 60 EGAPYCEGCY TDTLEKNTC GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120 NRPHCVPDYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180 ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205
----	--

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 35 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

50 AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPGVVADEV PHQGKCGWGR RLPGVRPGAA GAQRQEPPGSP TEGWGGGPPR120
HVPVQPVRVS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHGDG VSSVGGPLQG PRVLQGGLGV CEGAHQVASQ QGRILPRPERA GLPLT 55

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60
IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120
45 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFFPIRDWSNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- 50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- 20
- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- 40
- (A) LÄNGE: 291 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKG NTLLLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60
EEMPEDTEDL DHYEMKEEPE AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
10 ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGWS SAYSIESVIM240
QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTTPPKED G 291

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
35 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSDVADLLAS FNDQSTS DYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGE GTT 253

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60
VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MHRDSCPLDC KYYVGNLGNM GNKTELERAFF GYYGPLRSVW VARNPPGFAT VEFEDPRDAA 60
30 DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRS 120
FSRSRSRSLS RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRSRS NERK 164

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:
(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCPLL SSWVSLESLT LSYNGLGSNI FRLLDSLRL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60
PILELTRAIV RALPLLRVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG 148

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 10 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 EDGADGAFYP DEIQRPPVRV PSWGLEDNVV CSQPARNFSR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPNNYDQS KFEHHVESHW KVCPMCSEQF 120
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNF D 145

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- 35 (A) LÄNGE: 282 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSC120
50 ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPEKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK

282

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60
RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR 92

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120
45 LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

50 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSFWA V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

20 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

FFFLYSFPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPFGQ FDH

53

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

PLDCATFVVF FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF

52

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLLEGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPGKD 60
PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120
AA 122

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFF CFL FWD CAIM FIRRLD FG VCSR QIQN KYL RL ENRKS TI HTK CSL QE VAV SKS RQGP 60
NSG QPL LPAD LNK GCAIV FY FI ILL LWS LSL AKFL FP PGH RG PV FK FH SE AEG AKS 120
CLRS GL 126

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

ID FEG KER GK GQ GR DT PPL P LSW A QKL GGG RER IFT FF KL LF SE WNL LGQ GA QAL SS VPH 60
25 TP LL RS FI QK NIS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- 30 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

I I RGR REG RV E TPL PCPF PG PR SW GE GG KG FLH FL NC Y FL NGT SWA KG PR PCPL SL TP 60
45 LCS VHS FK KT F LE HLL CPAY AR PTS *VC VG GLY ASS SV PP CPS FTG AF GG SV GGG TFC GV 120
WG SP GS PT KL SP SP VP TH LL Q PPA 144

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109

GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVVIDSDGVF 60
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1 65

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:
 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

PSSPSLPVLR AGLRPFCDV PGCGCVRFLC SCL 33

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

5 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
-
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

25 KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60
HLGAHCR 67

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 35 (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
-
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

50 GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWL GLMAVRASFE NNCEIGCFAK 60
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASICGRI IGRMCVGNRH GLLVPNNNTTD 120
QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLDRETEEI LADVLKVEVF 180

RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS 240
FVPETT 246

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- 10 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYCPR SANPAMQLDR FIQVCTQLQV LTEAFREKDT AVQGNIRLSF 60
EDFVTMTASR ML 72

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- 30 (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGHLG 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- 50 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

ATLWLAKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLKK

40

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

10 LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAV FSFWASRICW RSFLRFPDS 60
VMLARALDAR FLRWCRVIS P WSITAPTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG 120
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

35

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

5

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

25

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60
NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH APPQEAGVQ 120
CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

50

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

15 FFFPCQPFIG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTDATL SRMHGPGTL SMEEVGSARG 60
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 20 (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

CALLPPPTPSR TEPSLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60
QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- 40 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL 60
10 PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- 20 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

LCQILMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R

31

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 50 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLG PDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
LQRVPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKF DL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVL SFP 120
FHEHLKAGEF PQPDFPDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 10 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

25 FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDVIVQ GDILALYNTA 60
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPVGVFV 120
ANLTEWKRN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH 180
LGSSAGKRY S PQFVKAAKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWYIPDPTGK FNLIRRTEI 240
SNIK 244

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50 PSFIIHSNPI WLGA LLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60
PVV 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 5 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

20 DYRLLSSGFC QNTPLESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI 60
LAIPNPRLDP 69

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP; ORF

(iii) HYPOTHETISCH; ja

35
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

OPRYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP

47

- 50 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

15 VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- 20 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

WKSWQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFSVTH QSDKRLVTTL 60
PGLFSFYNSSI SIHNDFVLCS IFFNPLSI 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M

21

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE 58

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

50 NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLHSICEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY 60
CKLFHFSS 67

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 50 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15 KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLVYKV AYKLESELVQ 60
SPFTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- 20 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- 40 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:
(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60
30 LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

35 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60
HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSRS SANWERLRQG TLRRDLRGII 120
NRGLEDGESW EYQI 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- 10 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQLAS YRRITSSKCP 60
25 KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KWVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 30 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

VFFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

FFFLLQKIGG IFTFIVFLSN ESTHI

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 20
- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLGYFQGTI KSDFCFVKK NFFNQYCFYK

40

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 NANYCIIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC 60
IEFKTL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15 (A) LÄNGE: 23 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

30 PCCEVLAGVG NVWKCSOOVC WGV 23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

35
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOJ EKÜL TYP: OBE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKS梧QVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIKQN KKSLGIILFH DFFCSFTPEG RNGLQQVVEE 60
EGGEQVY 67

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- 10 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

25 EGEPACSGIQ ARRVTCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60
DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

- 30 (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

45 FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

50

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEF QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60
T 61

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

25

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC 22

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

45

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

10 TSGQRLQTHT YIHAHKISAV EEWAWNQTSV SSKKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCLAKAG KTASGAGEVV 60
RCLSEQSVAI SR 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

35

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

45 LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 50 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFHLIN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

20 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNNSKFI Y

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

40 (A) LÄNGE: 239 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

LFIHFRNNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNGVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60
HPNLRSTVYC NAIAQGGEET WDFFAWEQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 120
LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 180
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

- 20 15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
CLLSISLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109

40 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 45 40 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

SLFLSSTGVS APLQGQS KSL HPEPPPI PVH FSR

33

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- 10 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

25 HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGV SIVLRV

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 30
- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

45

VEGTCS DGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWK CQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60
HGSNQAH RAT DAASLT TGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

RGHAVTEYLV GSLLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSCSVRAV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

40

MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFPK

28

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 50 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60
HKTVI 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 20 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

CFSFFSCYLS KHCSMVS SKSY FIMWIFQNNY 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 40 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIPIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFGVI

29

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

20	TPLRKEVILKS	KMGKSEKIAL	PHGQLVHGIH	LYEOPKINRQ	KSKYNLPLTK	ITSAKRNEENN	60
	FWQDSVSSDR	IQKQEKKPKF	NTENIKNSHL	KKSAFLTEVS	QKENYAGAKF	SDPPSPSVLP	120
	KPPSHWMGST	VENSQNREL	MAVHLKTLLK	VQT			153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

45	SLYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FS GTKHSKFN ESGQLSAFYL 60 FACVWGTFL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120 EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180 SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFSTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240 MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300 EKSS 304
----	--

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 5 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

20	KPITAARFPTT EFGGGGRKG EGDSLQLSRQ TSSRDLFSHT KIKTRQQTQD APEEVNRNDF RRELEERERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFFEE ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPGK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPIL SLAHSKLIKAD FEKFERRV	60 120 180 198
----	---	-------------------------

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

25

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

50 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQQ QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60
EGAFKK 66

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

20 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPPPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60
35 QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS 120
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET S 161

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIKLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- 10 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG

32

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTTT STPNEHGTCI FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

43

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

DLTSEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECLNH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60
KMYMEFPQLY NNSVVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH 120
FIFVMMIDILL DWSMHNILWY LCGISAFLMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK 180
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 25 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60
T 61

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF

24

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1880 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

CGCCGGGGGC CGGGGGCGGC CCAGGGGGGG GCCCAGGGGCC GGGGCGCTGC CTGAGGCGAG 60
 AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCCGGCACG AGCGCTTCGG CATTGCCAGC 120
 GCCTGCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180
 GGGGCCGCGC CGGGACCGCA TCTCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCCTGGGA TCCTGTCCGC 240
 10 ATCCACTGCA ACATCACCGA GTCATACCCCT GCTGTGCCCT CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300
 GATGACCCCTA ACTTGGCTGC TGTCTTGGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGAAATACT 360
 CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAAACTCTA TAACCTCCCT 420
 CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480
 GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540
 15 TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600
 AAAGAAAACT TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAGAACC AGAGGCAAGA TTACTTAAAT 660
 GGTGCAGTGT CTGGCTCGGT GCAGGCCACT GACC GGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720
 TACCGATCAC AGAGTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780
 TATGATTGGA ATGTCAAACCT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTGCA CAACGATCTC 840
 20 CAGATCCTCA AAGAGAAAAGA AGGAGGCCGAC TTCATTCTAC TTAACCTTTTC CTTTAAAGAT 900
 AACTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAAG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960
 GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020
 TACTCCATAG AGTCAGTGT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080
 GTGCAGTTG GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140
 25 TCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAACCGGC TGGTACACAC CCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200
 CCCTGGAGTA TCACCCCTTC TCCCTCCCCA GGCACCACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260
 TGTATTGGA TCTCACGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTCCTCTG GACGTGATAG1320
 CTCTGCCTAT TGCAAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380
 GAACTGTTTC AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCC1440
 30 TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAAAATT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAAACTCAG1500
 CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTAATTAA TTTTCTCTTA1560
 TTTCATGTAC ACTGCTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620
 TCTTTGGGAA AACAAATTACA GTTTGTTAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTAT1680
 TTTTATTGCG ACATCCCACC CCATCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740
 35 AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCGCATTT GCTGCTTAAG CAAGGGAAC1800
 TGGGGCTGAG CACACACCGG GGTGCCCG GATTTCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860
 CACCGGCCCC TTGGGATGCA 1880

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

10	GCGGTCGGTA	GTGCGGCCGT	GTTAAAGAT	GGCGGCCGAG	GAACCTCAGC	AGCAGAACCA	60
	GGAGCCGCTG	GGCAGCGACT	CCGAAGTGT	AACTGTCTGG	CCTATGATGA	AGCCATCATG	120
	GCTCAGCAGG	ACCGAATTCA	GCAAGAGATT	GCTGTGCAGA	ACCCTCTGGT	GTCAGAGCGG	180
	CTGGAGCTCT	CGGTCTATA	CAAGGAGTAT	GCTGAAGATG	ACAACATCTA	TCAACAGAAC	240
	ATCAAGGACC	TCCACAAAAA	GTACTCGTAC	ATCCGCAAGA	CCAGGCCTGA	CGGCAACTGT	300
15	TTCTATCGGG	CTTTCGGATT	CTCCCACCTG	GAGGCACTGC	TGGATGACAG	CAAGGAGTTG	360
	CAGCGGTTCA	AGGCTGTGTC	TGCCAAGAGC	AAGGAAGACC	TGGTGTCCCA	GGGCTTCACT	420
	GAATTCACAA	TTGAGGAGTT	CCACAACACG	TTCATGGACC	TGATTGAGCA	GGTGGAGAAC	480
	CAGACCTCTG	TCGCCGACCT	GCTGGCCTCC	TTCAATGACC	AGAGCACCTC	CGACTACCTT	540
	GTGGTCTACC	TGCGGCTGCT	CACCTCGGGC	TACCTGCAGC	GCGAGAGCAA	GTTCTCGAG	600
20	CACTTCATCG	AGGGTGGAGC	GACTGTCAAG	GAGTTCTGCC	AGCAGGAGGT	GGAGCCCATG	660
	TGCAAGGAGA	GCGACCACAT	CCACATCATT	GCGCTGGCCC	AGGCCCTCAG	CGTGCCATC	720
	CAGGTGGAGT	ACATGGACCG	CGCGAGGGC	GGCACCAACCA	ATCCGCACAT	CTTCCCTGAG	780
	GGCTCCGAGC	CCAAGGTCTA	CCTTCTCTAC	CGGCCTGGAC	ACTACGATAT	CCTCTACAAA	840
	TAGGGCTGGC	TCCAGCCCCC	TGCTGCCCTG	CTGCCCCCCT	CTGCCAGGCG	CTAGACATGT	900
25	ACAGAGGGTT	TTCTGTGGTT	GTAAATGGTC	CTATTTCACC	CCCTTCTTC	TGTCACATGA	960
	CCCCCCCA	TGTTTATTA	AAGGGGGTGC	TGGTGGTGAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	1020
	AAAAA						1024

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2383 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC 60
 AAGAAAGTAA TGGGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
 GCATTTCCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
 5 TTGCTTGCT TTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACAAAAA GTCTTAGGAG 240
 AAAAAGTCT TTCATAATT CCAGTGTAAAG CCACAAAGAA GCTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
 AAGCTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
 AAATAAAAAA ACACATTATCA ATCATGAGTA TACTGTTGT ATTCTGGAAA AAGCAACATA 420
 TTTCATGCTT TGAATATTCTT CTCTTGAGAA TAGTTTAAA GTTATTCCT TTTGTAACAT 480
 10 TCAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATT TCCTGTATGAT TAACATTCTG 540
 TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
 GAATGCATCA CCTGTGCCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTG TTAAGTTCAAG CAGATGAATG 660
 TAACAATGAC CACTTGTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
 TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTAA AAAAACAAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
 15 CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
 CCAAAAAAAT ATGCAAACAC AGGTTTGCTA AATTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
 TTTAAAGTAG AAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTC ACATTCACCA 960
 AAACATTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG 1020
 ATTACTGCAT TTATTCTCCA GAAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT 1080
 20 TTAAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACCTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAAACT 1140
 ATTTAATGCA TATCTGCCCT ATTAAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT 1200
 GAGTCACCTC ATTTCTTCT GTTGCCTCCA GTTGCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAT 1260
 ATATTAAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTGAACT 1320
 CCATACATTG GTGATACTTC TGCAACGCTG ATTACTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC 1380
 25 ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGGCCACG 1440
 GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGAC CCAGGCCAC 1500
 TCCCAGGGGT GCACCCATGT TCAGAAACTT TTCACTGGC GCACACATGG CCACAGTGG 1560
 GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCACTCTG ATGAGAAGAG GACCCCTAA 1620
 TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAGCAACC AAGCAAGATG 1680
 30 CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCCAG CTCCAACCAT 1740
 GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTCACCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC 1800
 AGGCCTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA 1860
 CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTCAAT 1920
 AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCAA GACCAACAGC 1980
 35 AGCCCCCTCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TAAATATT TTTCCATCGA 2040
 TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCATTCT 2100
 TGTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTCG TGATGGAATT 2160
 CTTCACAAACA GGGGGAGGCCT TGGTGAAGAC TGGGTGGAAA ACCCTAGAAG GTAGTGTCCG 2220
 GAGACACACC AGCCTTGCAAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT 2280
 40 GAAATGCTCG GTCCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG 2340
 GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCAATGTCGC AAC 2383

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3210 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

	GCAAGGCCTA	CTGTCGGCTG	GGAGGGGAGG	TGTAGCCGGT	CTTGCCCCGT	AGGCGGTAGT	60
15	GGCGGAAGAG	GTTCGGCGGC	TGATGGCGGA	TCAGGATCGG	AAGCCTGCGT	AACTTTCTCC	120
	CTTGATCCGG	GAGTCTTCC	ACTGGATTCA	CAATGACATC	CTTCAGAAGAA	GTCCCATTGC	180
	AGACTTCAA	CTTTGCCCAT	GTCATCTTC	AAAATGTGGC	CAAGAGTTAC	CTTCCTAATG	240
	CACACCTGGA	ATGTCATTAC	ACCTTAACTC	CATATATTCA	TCCACATCCA	AAAGATTGGG	300
	TTGGTATATT	CAAGGTTGGA	TGGAGTACTG	CTCGTGATTA	TTACACGTTT	TTATGGTCCC	360
20	CTATGCCCTGA	ACATTATGTG	GAAGGATCAA	CAGTCATTG	TGTACTAGCA	TTCCAAGGAT	420
	ATTACCTTCC	AAATGATGAT	GGAGAATTTC	ATCAGTTCTG	TTACGTTACC	CATAAGGGTG	480
	AAATTCTGTGG	AGCAAGTACA	CCTTCCAGT	TTCGAGCTTC	TTCTCCAGTT	GAAGAGCTGC	540
	TTACTATGGA	AGATGAAGGA	AATTCTGACA	TGTTAGTGGT	GACCACAAAA	GCAGGCCCTC	600
	TTGAGTTGAA	AATTGAGAAA	ACCATGAAAG	AAAAGAAGA	ACTGTTAAAG	TTAATTGCCG	660
25	TTCTGGAAAA	AGAACACAGCA	CAACTTCGAG	AACAAGTTGG	GAGAATGGAA	AGAGAACTTA	720
	ACCATGAGAA	AGAAAGATGT	GACCAACTGC	AAGCAGAAC	AAAGGGTCTT	ACTGAAGTAA	780
	CACAAAGCTT	AAAAATGGAA	AATGAAGAGT	TTAAGAAGAG	GTTCACTGAT	GCTACATCCA	840
	AAGCCCATCA	GCTTGAGGAA	GATATTGTGT	CAGTAACACA	TAAAGCAATT	GAAAAGAAA	900
	CGAATTAGA	CAGTTTAAAG	GACAAACTCA	AGAAGGCACA	ACATGAAAGA	GAACAACCTG	960
30	AATGTCAGTT	GAAGACAGAG	AAGGATGAAA	AGGAACCTTA	TAAGGTACAT	TTGAAGAATA	1020
	CAGAAATAGA	AAATACCAAG	CTTATGTCAG	AGGTCCAGAC	TTTAAAAAAAT	TTAGATGGGA	1080
	ACAAAGAAAG	CGTGATTACT	CATTCAAAG	AAGAGATTGG	CAGGCTGCAG	TTATGTTGG	1140
	CTGAAAAGGA	AAATCTGCAA	AGAACCTTCC	TGCTTACAAC	CTCAAGTAAA	GAAGATACTT	1200
	GTTTTTAAA	GGAGCAACTT	CGTAAAGCAG	AGGAACAGGT	TCAGGCAACT	CGGCAAGAAG	1260
	TTGTCCTTCT	GGCTAAAGAA	CTCAGTGATG	CTGTCAACGT	ACGAGACAGA	ACGATGGCAG	1320
35	ACCTGCATAC	TGCACGCTTG	GAAAACGAGA	AAGTAAAAAA	GCAGTTAGCT	GATGCAGTGG	1380
	CAGAACTTAA	ACTAAATGCT	ATGAAAAAAAG	ATCAGGACAA	GACTGATAACA	CTGGAACACG	1440
	AACTAAGAAG	AGAAGTTGAA	GATCTGAAAC	TCCGTCTTCA	GATGGCTGCA	GACCATTATA	1500
	AAGAAAAAATT	TAAGGAATGC	CAAAGGCTCC	AAAAACAAAT	AAACAAACTT	TCAGATCAAT	1560
	CAGCTAATAA	TAATAATGTC	TTCACAAAGA	AAACGGGGAA	TCAGCAGAAA	GTGAATGATG	1620
40	CTTCAGTAAA	CACAGACCCA	GCCACTTCTG	CCTCTACTGT	AGATGTAAG	CCATCACCTT	1680
	CTGCAGCAGA	GGCAGATTTC	GACATAGTAA	CAAAGGGCA	AGTCTGTGAA	ATGACCAAAG	1740
	AAATTGCTGA	CAAAACAGAA	AAGTATAATA	AATGTAACAA	ACTCTTGCA	GATGAGAAAG	1800
	CAAAATGCAA	TAAATATGCT	GATGAACTTG	AAAAAATGGA	GCTGAAATGG	AAAGAACAAAG	1860
	TGAAAATTGC	TGAAAATGTA	AAACTTGAAC	AGCTGAAGT	ACAGGACAAT	TATAAGAAC	1920
45	TTAAAAGGAG	TCTAGAAAAT	CCAGCAGAAA	GGAAAATGGA	AGATGGAGCA	GATGGTGCTT	1980
	TTTACCCAGA	TGAAATACAA	AGGCCACCTG	TCAGAGTCCC	CTCTTGGGGA	CTGGAAGACA	2040
	ATGTTGTCTG	CAGCCAGCCT	GCTCGAAACT	TTAGTCGGCC	TGATGGCTTA	GAGGACTCTG	2100
	AGGATAGCAA	AGAAGATGAG	AATGTGCCTA	CTGCTCTGA	TCCTCCAAGT	CAACATTAC	2160
	GTGGGCATGG	GACAGGCTTT	TGCTTGATT	CCAGCTTGA	TGTTACAAG	AAGTGTCCCC	2220
50	TCTGTGAGTT	AATGTTCTC	CCTAACTATG	ATCAGAGCAA	ATTGAAAGAA	CATGTTGAA	2280
	GTCACTGGAA	GGTGTGCCCG	ATGTGCAGCG	AGCAGTTCCC	TCCTGACTAT	GACCAGCAGG	2340
	TGTTTGAAG	GCATGTGCAG	ACCCATTTC	ATCAGAATGT	TCTAAATTTT	GACTAGTTAC	2400
	TTTTTATTAT	GAGTTAATAT	AGTTAGCAG	TAAAAAA	AAAAAAAC	CACACCTAAA	2460
	ATAGACCACT	GAGGAGACCA	TAGAGCGGAT	GCTTTCATGC	ACCCTTTACT	GCACTTCTG	2520
55	ACCAGGAGCT	ACTTGAGTT	TGGTGTACT	AGGATCAGGG	TCAGTCTTG	GCTTATCAAT	2580
	AAATTAAAT	CTCTGTTAAT	CTTACCTGCT	TTAAAAAAA	GTTCTTGTGT	GTCGTATCT	2640

TTATTATTC CCTAGTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700
 TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTAGCAGA ATATTCACAA2760
 GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTACTAAATA TTATGTAATA AAAAGCATT2820
 5 GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTTCTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCAGT2880
 AAATGATAGG TTTTAATT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTT2940
 TATATGTGAA ATATTGGTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTGCTAA TTTTATGGCA3000
 AAATTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTT TAAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060
 CTAATGGGAA ATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120
 CATAACCAGG GGGTGTGTTG GGCATAAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTG3180
 10 CATTTCCCTG TGGGGATTAA ATTGGAATT 3210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1030 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

CCGCTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTGAGCAGAAAAA TCGACTCGCT CGGTGTTCGC 60
 CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTCCTC GCAGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120
 GTTGGGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180
 40 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240
 CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300
 TTCTCTAAC TACAGTGAATC TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTG 360
 TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTG 420
 CGTTGACTTT AACACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTT GGATTTACGC 480
 45 TGTTGAAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540
 AAGCTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600
 AGAAGGATT CAGCAAATTG GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCCTGT 660
 CAGGATTCTT GAAGTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720
 GAGCCCTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAAACTGT 780
 50 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840
 TGCACCTGTT ACGGTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATAAAAAGTA TCTCAGCTCA 900
 ACTGAAGAAC AACAAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960
 TATAGAAACT GTTCATTA GTAATAAAAGT TTGAAACAAT GATTAACAAAT AAAAAAA1020

AAAAAGTTTT

1030

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1216 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT GGACAACGT TACTGTTCTT CCGTGGCCAA CCATGGCGGC CACCAGCCCT 60
ACCCCCGCTC CGGCCACTTT CCCTGGACAG TGCCCTCGCA GGAGTACTCA CACCCGCTCC 120
30 CGCCCCACACC CTCCGTCCCC CAGTCCCTTC CCAGCCTGGC GGTCAAGAGAC TGGCTTGACG 180
CCTCCCAGCA GCCCGGCCAC CAGGATTCT ACAGGGGTGA TGGGCAGCCG TCCACCAAAC 240
ACTACGTGAC GAGCTAACGC CACCGCAGGCG GCGGGGGCGCT GGGGAATCTT CCTCCCCAGC 300
CCCCGGGCTC GGGAGTTATG CATCCAGAGA CCTGCCCTTC TACCTTCCTC GCCTCCCCTC 360
TTCCTCATTC CATTGCCCCA GGTCTTTTCC TTTTGGATT TGTTTGGTT TTGGCTTTGT 420
35 TTTTGATTTT TTTTTATTAT GAATCTCCTG GACGCAGAGG TGACAGTGGG AGCTGGCCTG 480
GGCCAGGACG GCAGGTGCC CTGGAGATGG GAAAGTGTCT GTGTCGAGGC GCTGAGCTCT 540
CTCTCTGTTT CTCCCTTTTT CCTCTACTCC TTCCCCCTCA CACCCCCCGTG GCTGGAAGGA 600
ACCTCGGCTT CCCTGAAAGC TTGGGGGTCC CACCCCTCTT ACCCCACCCG GGAGGAACGC 660
40 CCAGGGCCCC GGGCTTGTGTT CTCCCTCTGT TTTCTTTTG GGCAGTTTG TAAGTGTATCG 720
AGTAAGGAAT GACCTT TAGA TTGTCGACT TTTGTTTTG TTTTTTTAAA TTTTTTTAAA 780
CCAAGAATGA TTTCTCCTGC TTCCTCTCC TCACCATCTT CCCAGACGGG GTTCAAAGGC 840
CACTCTCAA GCAGCTTTG GCACCTTCAG CCTCAGAGTG GAATCTTTA AAGACAGGAC 900
CCCTATGTCC AGGAAAGGGG AAAAGGAAC TTGCCAATGA TAGTGACCAC AGCAAAAGCA 960
45 ATAAAATAAT AAAATAAAA ACAATAGCAC AGCCCTGTT GAGGTCAAGCA GGGAGGAGGG 1020
GCTGCCCGGA GTTGGGTCT TGCTGGATT TTGACACAGC AACTCCTGT AGTGAGCACT 1080
TTGTATGAAT CGTGGACTTC CTGTTCTCAA GGCGCAGGTA TTATTCTGT ATCTGTCTAG 1140
AGCACACACC AAAATCCAAC CTTCTAATAA ACATGATGGC GCAGTCCAA AAAAAAGAAA 1200
CAGAAGAAGA AAAGGG 1216

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2369 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```

CGGGCGCCCG  GGCCAGAGTC  CGGCCGGAGC  GGAGGAGCCC  GGCCCCAGGG  ACAGCTCGGC  60
CGTCATTACT CAGATCAGCA  AGGAGGAGGC  TCGGGGCCCG  CTGCGGGGCA  AAGGTGACCA 120
GAAGTCAGCA GCTTCCCAGA  AGCCCCGAAG  CCGGGGCATC  CTCCACTCAC  TCTTCTGCTG 180
25 TGTCTGCCGG GATGATGGGG  AGGCCCTGCC  TGCTCACAGC  GGGGCGCCCC  TGCTTGTTGA 240
GGAGAATGGA GCCATCCCTA  AGACCCCAGT  CCAATACCTG  CTCCCTGAGG  CCAAGGCCCA 300
GGACTCAGAC AAGATCTGCG  TGGTCATCGA  CCTGGACGAG  ACCCTGGTGC  ACAGCTCCTT 360
CAAGCCAGTG ACAACGCGG  ACTTCATCAT  CCCTGTGGAG  ATTGATGGGG  TGGTCCACCA 420
GGTCTACGTG TTGAAGCGTC  CTCACGTGGA  TGAGTTCTG  CAGCGAATGG  GCGAGCTCTT 480
30 TGAATGTGTG CTGTTCACTG  CTAGCCTCGC  CAAGTACGCA  GACCCAGTAG  CTGACCTGCT 540
GGACAAATGG GGGGCCTTCC  GGGCCCGGCT  GTTTCGAGAG  TCCTGCGTCT  TCCACCGGGG 600
GAACTACGTG AAGGACCTGA  GCCGGTTGGG  TCGAGACCTG  CGGCGGGTGC  TCATCCTGGA 660
CAATTCCACCT GCCTCCTATG  TCTTCCATCC  AGACAATGCT  GTACCCGGTGG  CCTCGTGGTT 720
TGACAAACATG AGTGACACAG  AGCTCCACGA  CCTCCTCCCC  TTCTTCGAGC  AACTCAGCCG 780
35 TGTGGACGAC GTGTACTCAG  TGCTCAGGCA  GCCACGGCCA  GGGAGCTAGT  GAGGGTGATG 840
GGGCCAGGAC CTGCCCCTGA  CCAATGATA  CCACACCTCC  TCCCAGGAAG  ACTGCCAGG 900
CCTTTGTTAG GAAAACCCAT  GGGCCGCCGC  CACACTCAGT  GCCATGGGGA  AGCAGGGCGC 960
TCCCCCACCA GCCCCAACCA  GCGGTGTAGG  GGCAGCAGGC  TGCAGTGAGG  ACCGTGAGCT 1020
CCAGGGCCCG TGTCACTGCC  TTCAAACCTC  CTCCCCCTATT  CTCAGGGGAC  CTGGGGGCC 1080
40 CTGCCTGCTG CTCCCCTTTT  CTGTCCTCTGT  CCATGCTGCC  ATGTTTCTCT  GCTGCCAAAT 1140
TGGGCCCCCTT GGCCCCCTTC  GGTTCTGCTT  CCTGGGGGCA  GGGTTCTGC  CTTGGACCCC 1200
CAGTCTGGGA ACGGTGGACA  TCAAGTGCCT  TGCATAGAGC  CCCCTCTTCC  CCGCCCAGCT 1260
TTCCCAGGGG CACAGCTCTA  GGCTGGGAGG  GGAGAACCA  CCCCTCCCCC  TGCCCCACCT 1320
CCTCCCTTGG GACTGAGAGG  GCCCCTACCA  ACCTTGCCT  CTGCCCTGG  GGGAGGGGAG 1380
45 GTCTGTTACC ACTGGGGAAAG  GCAGCAGGAG  TCTGTCCTTC  AGGCCCCACA  GTGCAGCTTC 1440
TCCAGGGCCG ACAGCTGAGG  GCTGCTCCCT  GCATCATCCA  AGCAATGACC  TCAGACTTCT 1500
GCCTTAACCA GCCCCGGGGC  TTGGCTCCCC  CAGCTCTGAG  CGTGGGGGCA  TAGGCAGGAC 1560
CCCCCTTGTG GTGCCATATA  AATATGTACA  TGTGTATATA  GATTTTTAGG  GGAAGGAGAG 1620
AGGGAAAGGGT CAGGGTAGAG  ACACCCCTCC  CTTGCCCTT  TCCTGGGCC  AGAAGTTGGG 1680
50 GGGAGGGAGG GAAAGGATT  TTACATTTTT  TAAACTGCTA  TTTTCTGAAT  GGAACAAAGCT 1740
GGGCAAGGG GCCCAGGCC  TGTCCTCTGT  CCCTCACACC  CCTTGTCTCC  GTTCATTCT 1800
TCAAAAAAAAC ATTTCTTGAG  CACCTTCTGT  GCCCAGCATA  TGCTAGGCC  ACCAGCTAAG 1860
TGTGTGTGGG GGGTCTCTAC  GCCAGCTCAT  CAGTGCCTCC  TTGCCCATCC  TTCACCGGTG 1920
CCTTTGGGGG ATCTGTAGGA  GGTGGGACCT  TCTGTGGGGT  TTGGGGATCT  CCAGGAAGCC 1980

```

CGACCAAGCT GTCCCCTTCC CCTGTGCCAA CCCATCTCCT ACAGCCCCCT GCCTGATCCC2040
 CTGCTGGCTG GGGGCAGCTC CCAGGATATC CTGCCTTCCA ACTGTTCTG AAGCCCTCC2100
 TCCTAACATG GCGATTCCGG AGGTCAAGGC CTTGGGCTCT CCCCAGGGTC TAACGGTTAA2160
 GGGGACCCAC ATACCAGTGC CAAGGGGGAT GTCAAGTGGT GATGTCGTTG TGCTCCCCTC2220
 5 CCCCAGAGCG GGTGGGCGGG GGGTGAATAT GGTTGGCCTG CATCAGGTGG CCTTCCCATT2280
 TAAGTGCCTT CTCTGTGACT GAGAGCCCTA GTGTGATGAG AACTAAAGAG AAAGCCAGAC2340
 CCCTAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA 2369

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 849 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60
 35 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCA TGTTTACCT 120
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180
 GTCATCTGGG GGCCCACACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CAAAAACTGC TTTCTCCCTT 240
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTAT AATTTCCTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300
 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360
 40 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA AACTACAAAA AAAACCATGG 600
 CTTTCATATG GACAGATAAA ATGAAAGAGA GGGAAAGGC AGTGGTGTGT AGGCAAATAT 660
 45 GGTTTGGCAT TTGTCTTTA ATGACACCTG ATATGATGTC ATTGATTGATT TGAAATTGAA 720
 CACTAGAACT GTTAATCACC TTTAAAAGG AAGAGCTTAT TGGGGATTAT ATATTCCCTA 780
 AAAATATACA TGGGGCCTG AATGTCAGCC ATCTGTATAC TGTGGGGAAA AGGGGTTTGG 840
 GTGCAATTG 849

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1502 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

```

CCTTACCGGC AGGGCTGCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC 60
TAATACCCCTG GACTCCCCTC TGGAACCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGCTCCCGG 120
GGCCCCTATG GTCAAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA 180
25 CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC 240
TCAGATCACA GTGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT 300
TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTGA CAAGACCAAG 360
TCAGGGCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGGAAG 420
AACCTCTTCC AGCACTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG 480
30 CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACTG AGCCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC 540
CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC 600
ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCCTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC 660
ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTCGTCACC ATGACAGCTT CTGGGATGCT ATGACCCAAC 720
CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAAGGGAC CTTTCCTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAAGTA 780
35 TGTGGACATC TCTTCTTTTC CTGTCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC 840
ACTGTCCAA AAGAGGGTGG AGAGTCCTGC ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG 900
CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG 960
CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCTGGCA CCAGGAGCAG GTCTTGTA TGGAGTTAGT1020
40 GTCCAGTCAG CTGAGCTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT1080
TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG1140
AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC1200
CCATAAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGCT GCCTCTGCTC AGACAAATCT1260
GCTCCCTGGG CATCTTGGC CAGGCTCTG CCCTCTGCAAG CTGGGACCCC TCACCTGCCT1320
GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT1380
45 TTTTTAATT TGCATTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA1440
ATAAAAGGAT GAAACTCTGG AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA1500
AA 1502

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1892 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10
(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

20	CATAATTAGTCG	TTTAGAGTCA	TTTTCCAGC	AATGTTAA	TTACTTTCTC	ATTCTTTAG	60
	TGTATTCAAC	ATTGTCTGCC	TCTTCCTGCA	GTTGATGTAA	TTGCTTGTT	TGCAATAGCA	120
	CAAGCTGCAT	TATTCCAGTC	AGGACTGTGA	TAACCTGCTG	CCAGCCCCAC	TCAACTTCA	180
	GTTGGCTCTG	TGTCAAGTTT	CCACTCAGTG	TTAACTACTT	GTTACTGCCA	TGCTGCTTGC	240
25	CCTCCCTTGA	AGTGTCTATA	AGCTCATCAC	AGCCTAGAGT	TAAGTAAAGT	CAATTACACAG	300
	AAGCACAAATT	TTGCCCTTTG	CGAGACATTG	TTGCCCTCTAT	CTAGTCTTAC	AAGTAGGGTT	360
	TTGCATACTG	TGTTGCCCC	TAGGGTTGTC	AGTGCATCAG	AAATACTTCT	AAATACTGTT	420
	AAAAATGCAC	ATGGTTAACG	CACATGTAC	TTTAAATCA	TTAGGATATC	CCTCACCTGT	480
30	TCCTGATGAA	TAAAAAGTGT	GTAAAGACC	AAAATTCTTG	GCATAATAAT	CAGCTACATA	540
	CAAATCACAT	ATAGTTAAC	CTTTTTAAT	GGAAAAAAA	TCATGTTAA	AATGGCAAA	600
	GCCCCATCTTA	TACACTTTA	TATAGCTGCA	AAAATTTAT	ATCTGTACAG	ATCTAACACT	660
	ACGACACTCA	GTATTCACTT	TATTGAAGCA	TGCAAGTAAA	GCACCTTTTC	TAATTTATAT	720
	AGAGGTATCT	AATTAAACACA	GCACATTGTA	CTAATGACTA	GGAGTAGCAG	CTTTTCTTC	780
35	TCTCCCTCTA	TGAATTCTTA	TAATGTCCCT	TTTCTGTAA	GTTTTGAGA	GGCAATTGGC	840
	AATTAGGAG	GCAGCAGGGT	CTGTTTGGT	CAAATCTTGA	ATTTCGTTGT	TGCACTCTAG	900
	TGACTGATCT	TTGGGAATGT	CTTGTCTTG	CATGGGGCTC	ATAGAGATGT	GTGCAGACTT	960
	GCTTATTGTG	GTTAGTGTGT	ATCAGGAACA	CACACACAGG	TGTTCTGACC	AGCTCAGGCT	1020
	TGCCACAGTG	AGCAACTCTG	TGGCTAGCAA	AAGAGAAGTT	TATTGTGCC	CAGCCATTGG	1080
40	TCACCTTGGG	TGATGCACCA	GATAGCAGGC	AGATGTTGGT	TCATTGGCCT	TCGTCCTCT	1140
	TCCTCCTAAA	ATAATATTGG	CTT TACCATC	TTAACTCAGC	TGTGGGTTT	TTGTGGGTT	1200
	TTGTTGTTT	TTTGGCATGA	ATTGTCATCT	TTGGTGTGTTT	TTAACCCCC	AGCCCCTCAA	1260
	AAAAATAAGG	CCTCCAGGTA	TCAAGATCTC	ATATTAGGAT	TTTCTGTCT	TAATTTTTG	1320
	AGCAAAATCT	GGAAAATGTG	AAAGCATATT	TAGATTTAT	ATACTATCTG	AAATGTGATT	1380
45	TGTTAAGATT	CTTAAATTG	GGCCTCTTAG	AATAATTG	AATGAGATCT	ACCGACTCAC	1440
	TTGTGAGAAT	ATTTTCACA	GATTATCTT	GGGCCTTTTC	ATTAGAAAGC	TGTTTGTGTT	1500
	TCCCCCTGTT	GGTACATTG	GTTACCTCAT	TTTGCCTGTT	CAGATTGTGA	AAAGCTCACAG	1560
	GGGTGTTTT	TGGAATCATT	TGCTGAGTC	TTTCTCAA	TCATATTCCA	TTGTATCAGT	1620
	TAACATATAG	TTTAAATGT	ATGTATTATA	AATATCTGTA	ACCAAATCAT	TTGAAGGCTT	1680
50	GATAAAATT	TAACAAAGTT	TGTACATT	TTATGAAAGT	TACTAGTAAT	GCTTTACTAA	1740
	GTAGTGCAT	GAATTTTAT	TTTTAATCCC	TGTGCCAAT	TTTGGAGTTG	AGAGGGTTGT	1800
	TGGTAATAAA	TGTATGATGT	ACACTAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	1860
	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AA			1892

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1522 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

25 CAGGAGTGC GACCAGCGGG TGCCTGTAGT GGGTCCAATT GGGGTCTGCA CTTGCCCTC 60
CGCCCCCAGG TGGGAGTCAC CTGGAGCGTG AAGGGACGTG TCTCATCCCC AGTGTGTCGG 120
ACCCTGGAGA CACAGCCGCA GAGCAGCCCC TTCTCATGCA TGGACCTCAC CTACGTCAGC 180
CTGCTACTCC AGGAGTTCGG CTTTCCCAGG AGCAAAGTGC TGAAGCTCAC TCGGAAAATT 240
GACAATGTTG AGACCAGCTG GGCTCTGGGG GCCATTTTC ATTACATCGA CTCCCTGAAC 300
30 AGACAGAAGA GTCCAGCCTC ATAGTGGCCG AGCCATCCCT GTCCCCGTCA GCAGTGTCTG 360
TGTGTCTGCA TAAACCCCTCC TGTCTGGAC GTGACTTCAT CCTGAGGAGC CACAGCACAG 420
GCCGTGCTGG CACTTTCTGC ACACGGCTC TGGGACTTGC AGAAGGCCTG GTGCTGCCCT 480
GGCATCAGCC TCTTCCAGTC ACATCTGGCC AGAGGGCTGT CTGGACCTGG GCCCTGCTCA 540
ATGCCACCTG TCTGCCTGGG CTCCAAGTGG GCAGGACCA GACAGAACCA CAGGCACACA 600
35 CTGAGGGGGC AGTGTGGCTC CCTGCCTGTC CCATCCCCAT GCCCCGTCCG CGGGGCTGTG 660
GCTGCTGCTG TGCATGTCCC TGCGATGGGA GTCTTGTCTC CCAGCCTGTC AGTTTCTCC 720
CCAGGGCAGA GCTCCCCCTTC CTGCNAGAGT CTGGGAGGCG GTGCAGGCTG TCCTGGCTGC 780
TCTGGGAAG CCGAGGGACA GCCATAAACAC CCCCGGGACA GTAGGTCTGG GCGGCACAC 840
TGGGAACCTCT GGACTTGAGT GTGTTGCCT CTTCCTGGG TATGAATGTG TGAGTTCAC 900
40 CAGAGGCCTG CTCTCCTCAC ACATTGTGTG GTTGGGGTT AATGATGGAG GGAGACACCT 960
CCTCATAGAC GGCAGGTGCC CACCTTTCA GGAGTCTCCC AGCATGGCG GATGCCGGC1020
ATGAGCTGCT GTAAACTATT TGTGGCTGTG CTGCTTGAGT GACGTCTCTG TCGTGTGGT1080
GCCAAGTGCT TGTGTAGAAA CTGTGTTCTG AGCCCCCTTT TCTGGACACC AACTGTGTCC1140
TGTGAATGTA TCGCTACTGT GAGCTGTTCC CGCCTAGCCA GGGCCATGTC TTAGGTGCAG1200
45 CTGTGCCACG GGTCAAGCTGA GCCACAGTCC CAGAACCAAG CTCTCGGTGT CTCGGGCCAC1260
CATCCGCCCA CCTCGGGCTG ACCCCACCTC CTCCATGGAC AGTGTGAGCC CGGGGCCGTG1320
CATCCTGCTC AGTGTGGCGT CAGTGTGCGG GCTGAGCCCC TTGAGCTGCT TCAGTGAATG1380
TACAGTGCCCG GGCACGAGCT GAACCTCATG TGTCCACTC CCAATAAAAG GTTGACAGGG1440
50 AAAAAAA AAAAAGT CGAGCGGAAC GAGCTCACTT TCTTCTAGCT GAGCTTAAA1500
ACATTAGAGC TAAATTTTC AG 1522

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2016 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

GAGAAAATGG	AGGCCTTGG	GGAAGGGGCA	GGGTGGGAGG	ATTCTTCTC	CACACAGACC	60
25 TTAACCTTCC	AATCTATTCT	GCAGATGAAG	AATGCCGACT	ACTTCTCAA	CTATGTACA	120
GAGGACTTTA	CCACCTACAT	TAACAGGAAG	CGGAAAAACA	ATTGCCATGG	CAACCACATT	180
GAGATGCAGG	CCATGGCAGA	GATGTACAAC	CGTCCTGTGG	AGGTGTACCA	GTACAGCACA	240
GAACCCATCA	ACACATTCCA	TGGGATAACAT	CAAAACGAGG	ACGAACCCAT	TCGTGTTAGC	300
TACCATCGGA	ATATCCACTA	TAATTCACTG	GTGAATCCTA	ACAAGGCCAC	CATTGGTGTG	360
30 GGGCTGGGCC	TGCCATCATT	CAAACCAGGG	TTTGAGAGC	AGTCTCTGAT	GAAGAACGCC	420
ATAAAAACAT	CGGAGGAGTC	ATGGATTGAA	CAGCAGATGC	TAGAAGACAA	GAAACGGGCC	480
ACAGACTGGG	AGGCCACAAA	TGAAGCCATC	GAGGAGCAGG	TGGCTCGGGG	ATCCTACCTG	540
CAGTGGTTGC	GGGATCAGGA	GAAACAGGCT	CGCCAGGTCC	GAGGCCCGAG	CCAGCCCCGG	600
AAAGCCAGCG	CCACATGCAG	TTCGCCACA	GCAGCAGCCT	CCAGTGGCCT	GGAGGAGTGG	660
35 ACTAGCCGGT	CCCCGCGGCA	GGGAGTTCA	CCTCGTCACC	TGAGCACCCCT	GAGCTGCATG	720
CTGAATTGGG	CATGAAGCCC	CCTTCCCCAG	GAACGTGTTT	AGCTCTTGCC	AAACCTCCTT	780
CGCCCTGTGC	GCCAGGTACA	AGCAGTCAGT	TCTCGGCAGG	GGCCGACCGG	GCAACTTCCC	840
CCCTTGTGTC	CCTCTACCC	GCTTGGAGT	GCCGGGCCCT	CATTCAAGCAG	ATGTCCCCCT	900
40 CTGCCCTTGG	TCTGAATGAC	TGGGATGATG	ATGAGATCCT	AGCTTCGGTG	CTGGCAGTGT	960
CCCAACAGGA	ATACCTAGAC	AGTATGAAGA	AAAACAAGT	GCACAGAGAC	CCGCCCCCAG	1020
ACAAGAGTTG	ATGGAGACCC	AGGGATTGGA	CACCATCTCC	CAACCCCCAGT	ACTCCTGCTC	1080
TCCGGTGCA	CCTCACCTTC	TTTGGCTTCT	TCCCTCTTGC	CTCCTCTGT	TCTTCTGCT	1140
CTCCCCCTTT	TTCCCTCCTC	CTCACTTCCC	TCTGGCTAGC	CCACCCCCCTGC	ACTCTCTCTC	1200
45 ATTGCCGCTG	CCACTATCAC	CTGTCTCT	GCCAGCTGAT	GTGCCCTGTT	GCCCCCCCACC	1260
CCATCCCGCA	CAGAACCATC	CCTGCATTCC	ACAGGGGACT	CGGGCAAGGG	TGCCGAAGAT	1320
AGACAAGAGG	CACACAGAGA	CAGACCAACT	GGCAGCCAGG	CAGCCCCAGA	GGAGAGAGAC	1380
ATTCAAGACAG	AGGAAAGTCT	CCCTGCCCCCT	CATTCTTCC	AAGATGAGAA	AAACTTGCCG	1440
CCACCCCCCG	ACACTGATGC	CAGGGAGGTG	GGAGGAAGAA	GTGGGAAATT	TCCCTTCCCA	1500
GTACCCCAA	GAACGTCTGA	GCCTCAATG	TTGAATT	TCTTATTAA	AATTACTTT	1560
50 ATCTTATAAA	ATCAACTAAT	CAAAATGAT	ATAGACGACA	GCACTGGCTC	TGTGAAGGTG	1620
GCATCTTCT	GGGCAGGCAG	GCCATGGGGC	ATGGAGGAGG	GTGCAAAGAT	ATGGGTTGCT	1680
GTCTTCTGGC	CTCCAGCTGC	ATGGAGGCCG	GCCCAGGGTC	TAGGGTGTGC	ACTGGGCAAG	1740
GGCAGGGCGG	CAGGTGTCAG	GCCGGCTTGG	ACAATGAAAC	CCTGACCTG	CTGCATTCC	1800
TTTGCTTCCA	CCACCACTAG	CTTCTTGGA	ATCTTGGGT	GGGGTCAATC	TTTGGGGATT	1860

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGCA 1920
 CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCTTGGC ACAATAAAC 1980
 CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAA AAAGAC 2016

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30	CCGGATTCCG	CCCCGCCCGC	TGCGATCCGG	TTCCGCTCCC	CACAACCGC	TCTGTGGCGG	60
	GGCTTCCGGT	CGGGAGGGTC	CGCCAGCTCT	CGCGTCCTT	GCTGGGTCCA	GACACCGGTT	120
	CCGTTGAAA	CATTTTAAA	GGGCTGGTTA	TTCTTCCTGA	AATGAGTTTG	GTGATTAGAA	180
	ATCTGCAGCG	AGTCATCCCC	ATCAGGAGAG	CGCCACTTCG	CAGTAAGATC	GAGATTGTAA	240
	GGAGGATTTT	AGGAGTCAG	AAATTGACC	TGGGGATCAT	CTGTGTTGAC	AACAAGAATA	300
35	TTCAGCACAT	TAATAGAACAT	TACAGAGATA	GAAATGTCCC	AACCGATGTG	CTTTCTTTTC	360
	CATTTCATGA	GCATCTGAAA	GCAGGTGAAT	TTCCCCAGCC	TGATTTCCA	GATGACTACA	420
	ATTGAGGAGA	CATTTCTTA	GGAGTGGAGT	ATATCTTCCA	TCAGTGTAAA	GAAAATGAAG	480
	ATTACAATGA	CGTCCTGACT	GTGACGGCCA	CCCACGGACT	CTGTCACTTG	CTGGGATTCA	540
40	CACACGGCAC	GGAGGCAGAG	TGGCAGCAGA	TGTTCCAGAA	GGAGAAAGGCG	GTGCTGGACG	600
	AGCTGGGCCG	ACGCACGGGG	ACCCGGCTGC	AAGCCCTGAC	CCGGGGCCTC	TTCGGAGGGA	660
	GCTGAGGGCC	CGTTCCTTC	TGAAAGCGGG	ACGCAGGAGG	GGTGGAGGCT	GCAGGGAGCC	720
	GGGGTCGCAC	ACAAATAAAT	AACGAATGAA	CGTAAAAAAA	AAAAAA		765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:

CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCAGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG 60
 CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTTAAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120
 20 TGTCAATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGGTGCCTC TTCTTACTGG 180
 TTTTGCACCA TAACCTCCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAC GAATGAGGTT ACAGATTCA 240
 GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300
 GGAGACAAGA GGAGATTCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360
 TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420
 25 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480
 TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540
 CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600
 TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTG 660
 TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCAATTTC GAAGATTGTG 720
 30 ATTCAAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780
 ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840
 TTAATCCTGG AGTTTTGTT GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACAAACC 900
 AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960
 GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020
 35 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTG1080
 TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140
 CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200
 TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAACAG AATTGAACT GTAAGCAAGC1260
 40 ATTTCTCAGG AAGTCCGTGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAT1320
 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAAACTGCC1380
 CTGTCCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCCTC CATCTGCCTT1440
 ACCAAGTGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT1500
 CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTGTA ACCTGTGGCC1560
 TGATCTGTAA ATAAAACCTTA CATTTCAA AAAAAAAA AAAAAAAAAGA T 1611

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1473 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

GGTGTGGTCC	TCAGGGGGCT	GTAGGGTGGG	AGGTATGGCT	TCAGGTGCCA	AGTTGGCGGG	60
AACGGCAGCG	AGGAGGGCTG	GGGGGCACCT	CGGGCGCCGC	AACAGCAGGT	ATCCCAATAG	120
20 CTCCAAAACC	TATCACGACA	GCCATTGTC	TCTTCCCT	TTCCTTGTC	CTTCCTTTG	180
GGGGTGGGGG	AGGAACTCAC	GGAGCCAAAG	GTACTGTGAA	GTTCTAAAC	ATGTCTCTC	240
CACTCTTGT	CTAAACTTG	TAACGTAGAT	GCAGCTGACT	TTGCCTGTAG	CCTCATAGAA	300
CCCATCCCAT	GGCTGCAGTG	GAAGCTTGC	GTGGCTCTCC	AGTGACCAGA	GGCATAGTGA	360
GGTCCCAAGGG	AGGCTCCCTC	TGTCTTGCAA	CAGTTATTG	TGATCTTTT	CTATGTGCCT	420
25 ATTGTCACAA	CAGAGTCCGG	CAGCGTCTTC	TCTTGAGGGA	GCAATTGGA	GAAGAGCTGG	480
AACCCAGACT	CGCGCCCTGG	ATGCCATCCT	TTATCATCCA	CAGCAATCCC	ATCTGGTTGG	540
GAGCACTGCT	CTGGGTCTCA	CACTGCCCT	CCTCTATCCT	AGGGAGCCTG	AGGCCAGGG	600
GTGGAAAGAT	CCAGTTGCGG	GTGGGGGTA	GTGAACCGTG	CAGGATAATG	AAAGCAACTT	660
GCTTTGGAAA	TGACCTACCG	CTACCCGTTG	TCTGAGACTG	AGATTATCTC	AGACTGTCTT	720
30 CTGGCTTCTG	CCAAAACACT	CCCTAACAG	AAAGCACCGA	GGGGATGGGG	GTAGGGGGGT	780
TGGGGAGAGT	GAGGCTTGAG	TGTGAAGGAA	GTCTCATATA	TGCAGAGCTG	AAATCTCCCT	840
CTTTGTATGT	CCACACTTT	GTCTGTTCT	CTAGACTGAT	TCTGCTATT	CCAAATCCTC	900
TTCCACGTTG	ACAGCCCTTC	AGATATTCA	ACACTCCTCT	CAGCATCCTC	CACTCCCCC	960
ATCTCTCCAA	GCTGAACTTG	GTTCACAGGG	TGGGATTGTG	TATGTGCATG	CAGGAGGTGG1020	
35 GGGTGACAG	TGCCCTGGGC	TGGAATCCCC	CTTAGTTCTA	AGTGCCTCCT	TGCCCCGAGC1080	
TTCGAGAGCT	GTGCCCAGGA	GTGAACAACC	AGCCCTACCT	CTGTGAGAGT	GGTCACTGCT1140	
GCGGGGAGAC	TGGCTGCTGC	ACCTACTACT	ATGAGCTCTG	GTGGTTCTGG	CTGCTCTGGA1200	
CTGTCCCTCAT	CCTCTTGTG	TGCTGTTGCG	CCTTCCGCCA	CCGACGAGCT	AAACTCAGGC1260	
40 TGCAACAACA	GCAGCGGCAG	GTGGAATCA	ACTTGTTGGC	CTATCATGGG	GCATGCCATG1320	
GGGCTGGTCC	TTTCCCTACC	GGTTCACTGC	TTGACCTTCG	CTTCCTCAGC	ACCTTCAAGC1380	
CCCCAGCCTA	CGAGGATGTG	GTTCACCGCC	CAGGCACAAAC	GAGCCCCCCC	TTATACTGTG1440	
GCCCCAAGGC	GCCCCTTGAG	GTTGTTCAA	GTG		1473	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2503 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15

GAAACATGCA	ACTGAACAGG	AAAAAACTGA	AGAGGGATTA	GGCCCTAATG	TAAAAGGCAT	60
TGTCAACCAG	TTGATGCTGA	TGCTATTGAT	GATGTTGCG	GTCCACTGTA	CCTGGGTAC	120
AAGCAATGCC	TACTCTAGTC	CAAGTGTAGT	CCTGGCCTCA	TACAATCATG	ATGGCACCA	180
GAATATCTTA	GATGATTGTTA	GAGAAGCTTA	CTTTTGGCTA	AGGAAAATA	CAGATGAACA	240
20 TGCACGAGTA	ATGTCTTGGT	GGGATTATGG	CTATCAGATA	GCTGGAATGG	CTAATAGAAC	300
TACGTTGGTG	GATAATAACA	CCTGGAATAA	CAGCCACATA	GCACGGTGG	GAAAAGCTAT	360
GTCTTCTAAT	GAAACAGCAG	CCTATAAAAT	CATGAGGACT	CTAGATGTAG	ATTATGTTT	420
GGTTATTTT	GGAGGGGTTA	TTGGCTATT	TGGTGTGAT	ATCAACAAAT	TTCTCTGGAT	480
GGTAGGATA	GCTGAAGGAG	AACATCCAA	AGACATCGG	GAAAGTGACT	ATTTTACCCC	540
25 ACAGGGAGAA	TTCCGTGTAG	ACAAAGCAGG	ATCCCCACT	TTGTTGAATT	GCCTTATGTA	600
TAAAATGTCA	TACTACAGAT	TTGGAGAAAT	GCAGCTGGAT	TTCGTACAC	CCCCAGGTTT	660
TGACCGAAC	CGTAATGCTG	AGATTGGAAA	TAAGGACATT	AAATTCAAAC	ATTGGAAGA	720
AGCCTTACA	TCAGAACACT	GGCTTGTAG	GATATATAAA	GTAAAAGCAC	CTGATAACAG	780
GGAGACATTA	GATCACAAAC	CTCGAGTCAC	CAACATTT	CCAAAACAGA	AGTATTGTC	840
30 AAAGAAAGACT	ACCAAAAGGA	AGCGTGGCTA	CATTAAAAT	AAGCTGGTT	TTAAGAAAGG	900
CAAGAAAATA	TCTAAGAAGA	CTGTTAAAT	GCACTGTTCT	GGTCCTAAC	TTGAAGCAGT	960
TGTCTTGTG	AGAACCGGTC	TTTGCCCTTA	GCTCATGTCG	TGTTTCACAG	CAAAGAGGGT	1020
ACAGAACCAT	CACTGGTCCA	GGTTAATGTA	CAAAATTT	TGGAATGCC	TGATTAAAA	1080
AATAAAATTG	GCTTGTGAG	AACAGCTGTT	TTCGATTCT	AATGTGAAGC	AAGACAGAGC	1140
35 ACTGCTGAA	ATGTCTAGCA	GCAGATTTT	TTTTTATTGG	TACATATTAT	CCTTCAAATC	1200
TGAGAAATTG	GACTAACTGC	ACCAAAGAAC	CCTCTAATT	GGTCCCTGGC	ACATGCATAC	1260
TTGTCAATGT	TTTATTCTT	TTACAAGACC	TGCATT	TTGAATTACC	CGAATAGCAA	1320
TATGTAAAAT	ACAAGTGACA	AAATGTGATG	AGAGCTCTT	GAACCGGTAA	ACTAGTACAG	1380
GTCTGAGAAA	GACATATTAG	AAGAATCATT	ATACTCCCT	GAATTATATT	TATTTTCATG	1440
40 TTTCTCTAAT	GCAAAGAATG	TTTCATCAAA	TGTATATT	CTGTTGCTTA	CTGTTGCTC	1500
TGAGAAGAAG	CTGCTGTTTC	AAAGATGGAC	CTCTGAGTAG	CTAATTGATT	CAAGTAGTTT	1560
TTTTATGTTG	ACACATTATT	ACTGCTGTTA	GCAGTCGTT	TCACCAGGTA	CTTACAGAGC	1620
AGATTCATA	CATCATTAT	TCAGGGCTA	AATTATATT	TTTGGAAAT	CATGGCAACT	1680
ACACAGGATG	TTGCTTACCA	GGACGGAGTT	TTGGTATCTT	AGTACTGAAG	TTAGCACTAT	1740
45 GTTTACATGC	AAAAGATTA	GGAAAAAAC	CTTAAAGTGG	ACAGGTATCC	AAAGTTCAATT	1800
TTCTGTGACT	CATCAAAGTG	ACAAAAGACT	TGTAACAAC	TTGCTGGAC	TTTTTCATT	1860
TTACAAACAGT	TCATCCATT	ACAATGATT	TGTTCTCTGC	TCCATATT	TTAATCCCTT	1920
AAGCATTG	TGAAACACTC	TTAGTGCTA	TATGCATT	CTTACTTTG	TTAAAATGT	1980
GACAATTGTC	AAAAAAATGCA	CTAAAATGTA	AATGGAGATT	GAACAAGTTC	ACTTCCAGC	2040
50 TTATAGGCAA	CTTTATACAG	ACTTGAACAT	TTTCTCCAGT	TGTTTAGTAA	AAGTGAAGA	2100
GAAAGGGTTT	TTCCCTGCCAC	AGGATATAAC	TTTTTTTAT	ATAACAAAGCA	TAACACACCA	2160
CTGCTTTGG	TGGAAAAGTG	CAGAATAGTA	TGTACCTT	ATGAAGAAA	ATGTAATT	2220
CAATATTCA	TGAGAATGTT	ACTGCTGATT	TTCTTCTCA	AGGTGTAGAA	TATTCTTGA	2280
TTTATAGAAT	TCATTTTGA	CCCAGATGAT	GGTTCCTTA	CAGAACAAATA	AAATGGCTGA	2340
55 ACATTTCAC	AAATAGAGTG	TAACGAAGTC	TGGATTCTG	ATACCTTGTC	ATTTGGGGGA	2400

TTTTATTTA CTTTGTGCT TAAAGATTCA ATGCAGAGAA GTTGTGACT GTAGGGAAA2460
 TAAAGTTAAT TCAAATTTG AAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1756 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
 30 AAGGCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
 TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTAGT AATGTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
 ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240
 GTAATTGAG CCTGGAGCCT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
 ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
 35 AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
 GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTT GAAAACACAG 480
 ACCAAGAACATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
 CCAAGATCAT TTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
 TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTCC AGTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
 40 AAGTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
 CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTCG TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
 TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
 AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
 ATGCTTTCAG CAAGGATTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
 45 GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
 TCCAGGGTCA CTTTGTCAAG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACCTTT TTTTTTTT1080
 AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGGAGGG GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
 ATAAATTGTT TACTGAATT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTCCAAG CCTGAGTATT1200
 GTCTATTGGT ATAGATTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTGCAC TTATTACAAT1260
 50 GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGCTTCA1320
 GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTT GGTTGTAAA AGGTTTTTA TACATTCAA1380
 ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAC1440
 ATTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTCA1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
 CTATAGTTTC TATAATTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAAATAATA AATTATTGTA1620
 AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
 TTGATATTTA CAAACTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
 5 AAAAAAACGG CTCGAG 1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA 60
 TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTCAC 120
 AGGGCGGGGC CCTGTCCTC TACACGGCCC TCACCTGCC CCACCCCTTG GCTGGCATCG 180
 35 TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCCCC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240
 CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCCGTACGGT 300
 TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360
 AGACATACCC GGGTGTCAAT CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420
 TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCCAGTGCA GTACCCCAGC 480
 40 TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCCT 540
 GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCCTTTCC CACAGGCCCT TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600
 TGGCCGGGGC TTCCTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660
 CTTTCTTATC CATTCCCTG GAGGCGGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720
 GCAGCTGGAG AAAGGGGCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TCACTAGCCC 780
 45 CGCTTGGC CCCCTCCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCTG 840
 CCCCAACTGA TTCTGCCAG ATAATCGTGT CTCCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900
 ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGT GGCTCCCTGT CCCTGGCAG 960
 GAGTGTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTGA GGGGGCCCTT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA 1020
 CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCCTG GAGCCTGTAG 1080
 50 GGCTGGACTG AGGTTCAAGGT CTCCCCCAG CTGTCCTACC CCCACTTTGT CCCCCACTCTA 1140
 GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTTC TGTCTCCATG TGGTTTTGG 1200
 GTGTTTTCT TGTTGTGTCC TGGATTCCGA TAAAATTAAA GAAATTGCTT CCTCAAAAAA 1260
 AAAAAAAAGT CGACGC 1286

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1230 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

ATTCGGCAAC	GAGGTGAGAA	AATCCCTTTT	AAGGCCAAGG	AAAGCTGAAT	GCTAGCAGCC	60
AGGCCTGTGG	TACTTCCATG	AGAAAACCATA	GCAGACAATG	CCCTCCCAAG	TACTGAAATC	120
ACACTGGAAT	CCCCCTTGTT	GGGTTCATTT	GATTGTTAA	CACAGGATGT	GTTGTGTCAT	180
30 TCTGAAGTTT	TTATTTGGGG	CAGAAGTCTT	TATGGAGATG	TAAATGACAG	CGTTTCTGGG	240
TTATGCATAA	CTTCTCACTG	GTCAGAGACA	CCGGTGTGTC	AAGCATGGAT	ATTGCATTGC	300
AAGACTTGAA	TCTATAAAAAA	TTAGAATCAC	ACAGTCAGTA	CTACAAGCAA	AACAGAGAAC	360
CTGAAAGAAG	GTGCACAGAC	TGTAAGAAAA	AACCCAAGTT	TGTGATATT	CAGTGATTCC	420
AAAGAACATT	CTAGGTTTTT	TGTTTGTTTT	TTTGTGTTTT	GGGTTTTTTT	TTTTACTGCA	480
35 GAAAATTGGT	GGTATTTC	CATTCATAGT	GTTTCTATCC	AATTTCAGTA	CCCACATT	540
ATGAGGAAAAA	AATGTTTAC	CAATGAAGGA	GGAATTCTTA	AATTAGCTGT	AATGTTAGGT	600
TGGAGAAAAT	TTGGTATT	GGGTATTTTC	AAGGTACCAT	CAAATCAGAT	TTCTGTTTT	660
TTGTAAAAAA	AAATTTTTT	AATCAGTATT	GTTTTACAA	GTAATATACT	TTGAAACTCT	720
TGAACTAATA	GTCTCAAAAAA	CTCTAGAGGA	CAGTCTGAGA	ACACGTATT	CTATTGTTCT	780
40 AAATAAATAC	ATGTTTTGA	ATAGTTCAAT	CATGAATTAT	TGACTATGTC	TTCATCAAAA	840
GTGTTAATCC	CTCTCAGGGT	CTCTGGTGAA	GACCTTCAG	AGTTGGTTT	TTTCTCCCAG	900
GAAATTGGAA	GGTAGAATTG	AAATTCTATA	GAACCTCTT	TATAATGGTG	TACCTCAGCA	960
GCTGCCCTTC	AATTATGCC	AAGTCCTTAC	AGAGTTTATA	CTTGAATAGT	AAATATGTCT	1020
TCTGAGTTT	ACAGTGTCTT	AAACTCAATG	CACATT	TTTCTTCTT	TTCCACCCCT	1080
45 TCTTGTGTT	AGTCATTAT	ACCTGTCCTA	TTACAGAACT	GATTTCC	CTGGCTGTAC	1140
ATGTTGGGGT	GCTGGATTT	TTCCCGTGTC	TTTAGTCTTC	GGATACATGT	TCTCTTCTT	1200
AGCTTGTGGT	GAATACAGTA	ATTGCATTG				1230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2328 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

```

TGAGAGTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAACGCT GTGGTGGTT TTACTTTGTG 60
CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120
ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180
25     CCAGTGAGTC TTCGTCACTC TGCTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240
TGCTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC 300
ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360
GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420
TCTCTCTTTG TCCTCTCTCC CCTCCTGCC GCCCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC 480
30     TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540
AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCAG CCTGACTCCC 600
AGGCCTGAG ATTGTTGCCT GGTACCCAG GAAGCTGCTG TCCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660
TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTGC 720
AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTCTAAGT TGGATCTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC 780
35     TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTGCA TTGGGCCCTG GGTCAATTCAA ACCCAGGTCA 840
CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900
CTGAACCTAG GCCAGCTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960
TAATGTTGAGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAAACAAA1020
ACAAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTC ACAGACTCTT CTGTAGCTT ACACCAAGAAG1080
40     GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAAAATA1140
GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCCC TC GGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200
CACCCCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAAACC TTATTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260
ATTTTTTTA CAAAAATAAC TTCTGAATT ATCAGTGTGTT TGCCGTTAAA AATATTCCCTC1320
TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380
45     TTCATACACT GATTTATTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440
GGCTACCCGC ATCCCACCTCA GCCCCCTCCCT ACCCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500
ATGAGGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCGCTGCTCA GGGATCCAGG1560
CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620
CCTCGCTCTC TGTTCCAGCA ACCCTGGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG1680
50     GGAGTGGACC CACCCCCAGGG CCTGCTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT1740
TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800
GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTAA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860
TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTCGCTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTTG1920
TTCCTGCAAA CCACAAAGATA AAGGTAGTGG TGTGCTCGA CCCCCATCAGC CTCTCACCCA1980

```

5 CTCCCAGACA CACACAAGTC CTCAAAAGTT TCAGGCTCCGT GTGTGAGATG TGCAGGTTT2040
 TTCTAGGGGG TAGGGGGAGA CTAAAATCGA ATATAACTTA AAATGAAAGT ATACTTTTA2100
 TAATTTTCT TTTTAAAACT TGGTGAAATT ATTCAGATA CATATTTAG TGTCAAGGCA2160
 GATTAGTTAT TTAGGCCACCA AAAAAAAAGTA TTGTGTACAA TTTGGGGCCT CAAATTGAC2220
 TCTGCCTAA AAAAAAGAAA TATATCCTAT GCAGAGTTAC AGTCACAAAG TTGTGTATTT2280
 TATGTTACAA TAAAGCCTTC CTCTGAAGGG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1767 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

35 TGTGACATTG TCCTGAGGTT CATCCGCCTA AATTATTATT AGCCATCCCT TACCAAATAT 60
 TTCAAACCAG GCAAATGACT TCTGGAAGAG AGAGAAAGGA AGGGGAGAGG GAGGGAGAAAT 120
 ATGAGTAAGC AAGCAGGGTC ATATGGTTAA ACATGGAATT TTTTAAAGGA GTTATTACAA 180
 GTGGGAGTCA AATAGAACCTG TGGTAGAATG CTTTGGGTAC AGGAATATGT TATGCAATAA 240
 AGTGAGGAAG AGAAAAGGG AATAAGAAGG GAGGAATGTA ACTAGAGCAG CTCCCAACAG 300
 TTTGCCTATG TATTGCCAG CACCAAAATT CGTAGAGTAA GCCACTTACA TTTCCACTGC 360
 TAGTATTAAG GAAAGACAGC AGTGGTGATT CTTATAAAGT GAGTATACAT TTATTCTTAT 420
 40 TCTGATATGT GAATTTTCT TTCACCAAGTT AATTAACCTGG TAATTTGTAA ACAGTGGGAA 480
 GAAGATTAGA ACAATTATGG AGGTACTGAA TTACACAAGG AGATTAAGG GAAATGAATC 540
 AAACTAACCA CAAGATAGGT AGATTGATTC ATTCATTTT AATCTCCTTG TGTAATTCA 600
 TACCTCCATA ATTGTTCTAA TCTTCTTCCC ACTGTTTACA AATTACCAAGT TAATTAACCTC 660
 GTGAAAGAAA AATTACACATA TCAGAATAAA AATAAAATGTA TACTCACCTT ATAAAAATCA 720
 45 CCACTGCTGT CTTTCCTTAA TACTAGCAGT GGAAATGTA GTGGCTTACT CTACAAATTT 780
 TGGTGCTGGC AAATACATAG GCAAACGTGTT GGGAGCTGCT CTAGTTACAT TCCTCCCTTC 840
 TTATTCCCTT TTTCTCTTCC TCACTTTATT GCATAACATA TTCTGTACC CAAAGCATTC 900
 TACCAACAGTT CTATTGACT CCCACTTGTA ATAACCTCTT TAAAAAATTC CATGTTAAC 960
 CATATGACCC TGCTTGCTTA CTCATATTCT CCCTCCCTCT CCCCTTCCCTT TCTCTCTCTT1020
 50 CCAGAAGTCA TTTGCCTGGT TTGAAATATT TTGTAGGGAT TGCTTATTAT ATTATTTAG1080
 CTGATGAACC TCAGGACAAC GTCTACACAC ACACACATAC ATACACGCAC ACAAAATCTC1140
 AGCTGTTGAA GAGTGGGCTT GGAATCAGAC TTCTGTGTCC AGTAAAAAAC TCCTGCACTG1200
 AAGTCATTGT GACTTGAGTA GTTACAGACT GATTCCAGTG AACTTGATCT AATTCTTT1260

GATCTAATGA ATGTGTCCTGC TTACCTTGTG TTCTTTAAT TGATAAGCTC CAAGTAGTTG1320
 CTAATTTTT GACAACTTA AATGAGTTTC ATTCACTTCT TTTACTTAAT GTTTAAAGTA1380
 TAGTACCAAT AATTTCATTA ACCTGTTCTC AAGTGGTTA GCTACCATTG TGCCATTGTT1440
 5 AATTTTTATT TAATTTTATT TGCTTGAGCA CACTGATCAA CCACTGAACG GCCTTCTTCC1500
 ATTGTCCTGC AATGATATAA GGGTTACATT TTTGTGTATA TGGCTTCAT AGTTGGGATT1560
 TCAGAGCACT GATACCAGAT ATTTCAGTT TGTTCTCTGG GGGAAATTCA TTTGCATCTA1620
 TGTTTTAGC TATCTGTGAT AACTTGTTAA ATATTAAAAA GATATTTGC TTCTATTGGA1680
 ACATTGTAT ACTCGCAACT ATATTCTGT AAACAGCTGC AGTCAAAAAT AAAACACTGA1740
 10 AAGTTTCAT TTTGCAGTGG AAAAAAA 1767

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2311 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 20 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

CATGCCCTTC ACCGGCGGCG GCAACATCGT GGTGGCCACG GCGGACGGCA GCAGCGCGTC 60
 35 GCCCCGTGCAG TTCTACAAGG TGTGCGTGAC GTGAGTGAGC GAGAAGTGCC GTATCGACAC 120
 GGAGATCCTG CCCTCCCTGT TCATGCGCTG CACCACCGAC CTCAACCGCA AGGACAAGTT 180
 CCCCCGCCATC ACCCACCTCA AGTTCCCTGGC CGGGGACATG TCGGAGCAGG TGCTTTGTG 240
 CGCGTCCAGC CAGACCAGCA GCATCGTGGA GTGCTGGTCC CTGCGCAAGG AGGGACTCCC 300
 CGTGAACAAAC ATCTTCCAGC AGATCTCCCC CGTGGTTGGC GACAAACAGC CCACAATTCT 360
 CAAATGGCGG ATCCTATTCGG CCACCAACGA TCTGGACCGT GTGTCGGCCG TGGCGCTGCC 420
 CAAGCTGCCA ATCTCGCTCA CCAACACCGA CCTCAAGGTG GCCAGCGACA CACAGTTCTA 480
 40 CCCTGGCCTC GGGCTGGCCC TGGCCTTCCA CGACGGCAGC GTCCACATCG TGCACCGGCT 540
 CTCACTGCAG ACCATGGCCG TCTTCTACAG CTCCGGGCC CCGAGGCCCTG TGGATGAGCC 600
 45 GGCCATGAAG CGCCCCCGCA CGCGGGGCC CGCCGTCCAC TTAAAGGCTA TGCAGCTATC 660
 GTGGACGTCA CTGGCCCTGG TGGGGATTGA CAGCCACGGG AAGCTGAGCG TGCTCCGCT 720
 CTCACCTTCC ATGGGCCACC CGCTGGAGGT GGGGCTGGCG CTGCGGCACC TGCTCTTCC 780
 GCTGGAGTAC TGCATGGTGA CCGGCTACGA CTGGTGGGAC ATCCTGCTGC ACGTGCAGCC 840
 50 CAGTATGGTA CAGAGCCTGG TGGAGAACG GCACGAGGAG TACACGCGCC AGACCGCTGC 900
 CCTGCAGCAG GTCCTCTCCA CCCGGATCCT GGCCATGAAG GCCTCGCTCT GCAAGCTGTC 960
 GCCCTGCACG GTGACCCCGCG TGTGCGACTA CCACACCAAG CTCTTCTCA TCGCCATCAG1020
 CTCCACCCCTG AAGTCGCTGC TGCGCCCCCA CTTTCTCAAC ACGCCTGACA AGAGCCCCGG1080

CGACCCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140
 CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200
 CTTGCAGTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260
 CCTGCTGAGG CGGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGCA TGCTTCGGGA1320
 5 ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATA1380
 GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440
 GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500
 CTGCCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560
 CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGCTG CAGTTGGCC GGGGCCAC1620
 10 GCTGCCTGGC AGTGCCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680
 CAAGATCGAC CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGGAGG AATGCAAGGC1740
 CTGCACCAAGG TGCGGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCA AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800
 GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAACTG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860
 CCTCAGCTAC CCCTGAGGCC AGCTGCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920
 15 CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCAGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980
 CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCCGG ACCGCTGCGT GACCAGCAGA2040
 GCTTCTGAGG AAGCCCCTC CTTTGTCCAG CTGGGCCCGC AGTCCACACCA CCACTCTCCC2100
 AGGACCCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACGCC GCGGGGGTC2160
 CAGGGGGACC TTGTGGTGAC CGGGCTCGGG CGTCTCCCTCG GTTCCCTTGC CTCACCCGCG2220
 20 GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGGAAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280
 CGCCCAAGAA AAAAAAAA AAAAAAAGGG G 2311

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1772 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
 CTCACACCCC AGTCCCGAGT GCCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGC 120
 50 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGC 180
 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
 CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
 CGCGGAGGGGG CGGGAGGGAG CCCGCGGCCGG CGGCAGCAGC TACAGCAGAA TGGCGGAGAC 360

CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCGCGAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
 CCCCAGCAAC TTCCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTCA AGCTGAAAGA 540
 5 ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
 GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTAGA 660
 GGAGATGATG GAATATTGAGA TGACAATTG ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
 TTTATAAACAGA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTT 780
 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
 TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGAACATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
 10 TAACTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
 ATGCTCAGTT TTGTTTGTG TTGGCAGTT ACAAGAAGTT AATTGCTTT AGTAAAAATC1020
 CCTCATTCCA GCCTTCTAT ATAAATAGCT CTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTG ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
 TTGGCTTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCACTGTGAT TAACTAGAAT1200
 15 ATTTCTCTTT CCCCCCTTTA ATTTGTGATG TCACCTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
 TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320
 TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTCACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
 TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTGAT CTAAAATTT AAGTTGTTT1440
 CAAATAAAAAA TTAAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTGCGCTCC AGCTTTTTT1500
 20 GCTCTCTATG AGTGAACACT TAAGTCACCT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
 TTCTCATTCC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
 ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGAATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
 GCTTATTGAA TCATTTGAA GCACCTTGAG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTAA1740
 TTAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

TCTGTATCTT CCTTGCCCTC AAATACCCTG AGGTGATAAA CTGTTCCAGT TGTAGCCAAC 60
 TACCACTGCG CCCGGCCTTA AATAAAATAT TGTAGTCATT AATGGTGTGT TTGAATTGAA 120
 GAGATACCAAG GAGATAGAGG TGAAGTGCAG TACTTTATT CTTTAAGAAT ATAGTCTTA 180

	GCCAGGTGCA	GTGGTGTGTG	CCTGTAGTCT	CAGCTATTTG	AGAGGCTGAG	GTGAGAGGAT	240
	CACTTGAGTT	CAGGAGTCA	AGACCAGCCT	GGGCAACATA	GCAAGTCCCT	GGCTCAAAAA	300
5	AAAAAAAGTT	TCCCATTCA	ATTAACCTCA	TCTTTAAAAA	ATGTCATGAT	TACAAAGTGA	360
	AAAGATTTGG	CTTTCTTAGA	GGCTCAATCA	CAGAGGTGAA	AGTGACCTTG	GAAATCATAT	420
	ACTCTATCCC	CATGTTACAC	AGATTAGAAA	AACTGAGGTT	ATGGCACTGA	CTTAGGCACC	480
	CCCCAGCAAG	GCAACCCAGG	GACTACAAC	GGCAATCCCA	ACTCCTGGGC	TAGGGCTTTG	540
	TCTACCTTT	TTTGCATTGG	CCTCTTAAAG	AGGCAATGAA	TACTAATTCC	TGGCATCAGA	600
	AAAAAAAAAA	GGCATGAGGT	GGGAGGATT	TTTTTCCCT	GATGGGAAAC	AGTGAATAAG	660
10	AAAAAATCTCA	TCATTCGATG	GAAGAGGTGA	CTTAATAATT	TTATTAAATGA	ATTTGATGTC	720
	CCATGTTTG	TAGTTTGT	ATCATTGAAC	CATTGGGCT	GGAATCTGCC	TAAATAATT	780
	TATCTGGTA	GCCAGCAATT	ATGTTGGTAT	TTTATGTGGG	CCTTCCCAGA	TTTCATATT	840
	AATGAAATGA	CTAATAGTCG	TACTTAAGAG	GTAACTCTAC	TAAAGCAGAA	TGAGATCTAA	900
	TATGTTGTGG	AAATAAAAGA	GTTTGCAGTG	GAATGATACT	CTCACTCCGT	GCTTGAAAAA	960
15	TTGAGTTCTA	TTCAAGACGG	AACTGCTATG	ACTGGCCTAT	TCAAGGCTTC	ATATTTTAT	1020
	ACAGACTATT	TCACAGACCA	TAGATTATT	TTAAAAGGGA	AAATCTCACA	CATAATTAAAG	1080
	CAGTGGAAAA	TGTGCTCAAT	GCTATGGTGC	GTCAGGCCCT	CTGTCTACCA	GGTTCTCCC	1140
	GCTTCTGCA	GAGCTGTGGA	CCCTGTACGT	ACCAAACAGG	TGAACCTGGT	CCATCTTCC	1200
	TTCTCCTT	TTTGCACAT	TTGCATTTAT	ATCTTCTGT	ACTAAAAGAA	ACAAATTATT	1260
	TATAATTGGG	GTGACAATAT	AAAGGAACAA	AAGATGGGC	AATAGTTGCT	TCCTAGCTGG	1320
20	AGCTGTAAGT	CCATGTTACA	GAAACTCACT	ATTTAAAAAG	TTTAAAAGA	TTTATGAACC	1380
	TTGTCCTACA	ATTGCGTGA	TACTTATTG	TCTTTAAAC	TCCCCTCGGT	GTATGGATCA	1440
	TCTTCGTAG	AATGCCGTTG	TTTCATTGTG	AATCAGGGGA	AAATGTTAAT	CATTTGGAGA	1500
	CTGTTTCTT	ATTACCAAAT	GTACAATCCA	TAAGACAAC	GAAAGCAACA	ACTGCTGGGT	1560
	TCACTGACAA	AGATTATAAA	AATCATCACG	TTCAAAGTAG	AGTTTTAGC	CAAGGTCAAG	1620
25	AACTAACCTG	GGGCTGAGTC	AGCGTCTCTA	CCCACTAAA	TAACAGCGTA	AAGATCTTC	1680
	ACTAAATTG	TTATGTGGTC	TGCTCTGGATG	TAAACCTATA	TATTCCTT	TGAAACAGAA	1740
	TCATATCCTG	CAGACTCTTG	GCACTCCTGC	ATAGCTTGA	CCGAATGTT	ACTCTCATCG	1800
	TAATGGAAGA	TTTCTATCTA	TGCAGATAAT	ACATGTTTT	AAATACTGTT	TTCTGTTAG	1860
	TCCTCAATCT	TCCTAACTCA	AATTGGGGAC	TGAGGAGAGA	GAAAGGTGGT	TACCCCTGTT	1920
30	ACCGTGCCAT	ATTCTCTTG	CTGCTTTCA	ACCCCACGTG	ATTGTTGATT	GACGGTTCTG	1980
	CTATAATGTG	CGTGCCCTTC	AAGTTTCAGA	AAACTTCCC	AATCATTCA	CTTCATCTT	2040
	AATTGAACCC	AAGAGTCAAA	GTTATTATT	TCTCCGAACG	TGTTTGTGAT	CTTCTGTTAT	2100
	ATTTTGGGGC	ATGTTACCTT	TATGGTATAT	AAGCTGTAGT	GCATACTCTT	TGTATTGCAA	2160
	AAAACGGTC	AGTAATTAT	GTACATGTAT	TCCACATT	AGTGTGCTTG	AAGTGACAAT	2220
35	CCATAGTTG	TAGTAGTTG	TTATTGTCA	ACTTACCC	GTCAGGTTAG	GACATCTAA	2280
	CATTCCCTGT	CCTATCAAGA	TGACAAAAGC	AGAATGTAAT	TTTTTTTG	AAGCTTCGTG	2340
	ATTACCTGTA	ACAAGTTCTG	TTTTAAAAC	GAATACAAAT	AAAGTTAGTA	ACTATTAA	2400
	AATCAAAAAA						2409

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2594 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

10	CGCCCTTTT TTCTTTATTT TCTTATGTAC TCATCTACTT ATTCTCAAAG TATTTAGCAT 60
	TCAACACTCT TTTGCTTTA AAAAGAATGG CCTTACAAAG GGACAGAAAA GAGAACACAC 120
	GAGCTTGGTG TATTTTCATC AAGTTATGTG GCAGAGAAAT CCAGATATTA CCAGGACCTG 180
	TCTAACAAA TGTTGTGGGT TTTCTTTCA TTCGGATAGC CACTTTATAG TTGGAATATC 240
15	AATTCTAATG AGGAGGAAGA CATAAAATATA AGTGGTAAAAA AGAAACATGA CTTCCCTTAA 300
	AACAGGCTGG ATAATCTATA TCAGCCTTGT GGGTGGAGAC TAGTATTGTA TCCTTGCCAT 360
	ATAAAACATT TTAATATGGT TTACATGGGA AAATATCGAT GGCTTCCTCA CAAAATGTAT 420
	GGGTGACGTG AAGTTGAAGA GCCAATGGCT TGGGTGACAC GTGCTGGATC CAAAAAGATC 480
	AGGGAGACTA GAATAAAACT TGGATGTTAA AAATTCACCA GGAATCCACA TAAAGTACTA 540
20	TATTGggCT AAAATGAAAA ACTAAATACA AGGTGGGAGA GAGGCAAGAA TTTCAGTTGA 600
	CTAAGCTCAG TGTGAGTTCA AAGTGGGATG GAACCATGCA AAAACAAAAC CCACAGACAT 660
	GCAGGCTACG TGAGGAGAAA ACAGTGGTGA GGATCACATC ACATTGTGTT TGCATTGCC 720
	GGAACCATAC TTTAAGAAGA AAACCGATCA TCTATAATAA CATCAGTTA TCAATGCC 780
	GTCCTGATGA AGTGTGCAGA CTCTCAGAAA CAGCAGGAAG GACTTCATGA GAACCCTCAG 840
25	GCTGGAGAAG GGACTAGGGC ACAAGGAGAG CTCTCCTAGG ACCAGGACCA AGAAGCTACA 900
	GGCAGGCACA GTTAGCTCC TGCAGAGACC CAGCTTTCA CAAGTTGGAG CCTTCAGAG 960
	ATAGAGGGAC TGTGGTAGGT GGTGACCCAC CCATCACTGG AGGTGGAAGC AGAGGCCGTT1020
	TGCCAGGGAT GCTGGAGAGG GGATTCAAGC ATCTGGCTGG GCAACGTGAT GCTCAGGGCC1080
	GTCTCCACTC AGGGCTTAGG GGAGTCTGTG AGTAGAAGAG CTTTAGGTGA TTTGTTGGT1140
	GGGGGAAGGC AAGTACACAG CTATGCACTT TCCGTTCTG ACTTTTGCCA CCCTGTCAGC1200
30	CATGGGGAGC CCACTGTGGG ACTGAAACCC TGAGCTGAAT GCGGCCTCAT GTCTCAGAGA1260
	AAACACTGGCA AGTGTGTCAG AGCCGCCGTC TGCATCGAGG CGTACTGAGC GGCAGGATGG1320
	GGGGCTGCCT GCCCAGGGTC TCTCACCGTG GTGTAAGCAG AGCCATGGCT TGCCTAGGAC1380
	CCTATAGATA CCATCACTCT TTCTCAGCTC GACTGGAGTT TCTGCACCTT TGCAGGGCA1440
	AAGTAACCTCC CTGCACCCCTG AACCACCCCC CATTCTGTT CATTTCAGCA GATAATGATG1500
35	GAGGGGGGGG GGTGTCCATC GTGTGAGGG TGTGACCGCA AGAGGGTGAA AACCTCCAGC1560
	CAACTTTCTC AGTCCTTCT CTTGCGAGAG GGAAGCCACC TGCTATACAA ACTAATACCC1620
	CCTGCCTTGA CCCCTTCCCC ACGACTCAGT TGACAGAAGG ATATACTTTG TTATAACTTA1680
	TTATTTGTT CTCTGTAAAT ACAAGATGTT TATAGGAAAT ATGTATTCTG AACTCTATCT1740
	GCAGAATGAG TCACTACACC AAAATAGTTC TATTATTTAG AATGTGTTAA TTTAAAGGG1800
40	ACCTGATAGG TATTTATTTA CATATGCGAT CCACATTGT GTGAAAGCAT GTGATCATA1860
	TAACCCAGCC TCCTGGAATG TCGCTGTACG ATGATTGATG TCTTTTCTC AGTCCATAGT1920
	TACAATTGTT TAGTATGCTA ATCAGTCCAG TTCCCTGAGG TTAAGATCA AATATAAATT1980
	ACTCTGCTT TCGACTCATT CAGGTAGCAT TGTACCTGAA CCTGATTGCT ACTTTTCAT2040
	CTTAAATATT ATATTCCTC ATCTAATCTG CCTTCCCCC ATCCACAGAC ATTTGGAGAA2100
45	GGAAATGGGA GGGTGTCTGT TATCCCTTTC TCTTGTCTT GTCCCCGTT TTAGACTGGC2160
	AGCGTCAGTT GCTCGGTGGG CTTGGTTAGA GCCGTGGGTG AGGCAGGTGG CTGGCGGGGA2220
	CAGGGAGAGG CTGAGAGGGG AGTGGTGGCA TTTACTGCTC TGACACTTCC ACTGTCCTG2280
	CTGGGGATGC TGGGGCCAAG GCCTGTGGGG CCTGTGAACG GCACAGCCAG GAGCAAGGAA2340
	CCCACCAAAT ACTCCGTAC CTCCATGTCC CCTCTACAGT GTAAATTAT TACATAAGCA2400
50	GGTGAAAGGT AGAAGGCAGA TTATGTGAGT AAATATGGTC TGTGTTCTCT TCAGCAAAA2460
	TGACTATTTT TGTGTGTGAC TAATTTATTT TTATTATTGT AAAGATACAA TAAACCGGTT2520
	GAAATATCTG CTTTGTGAC AAGCGTGTGC TTTCTATGGC NTTATTNGCG TTCTGTTNTC2580
	CTGNAAAATAG CGCC

2594

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1012 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:

TGAACTGGAG	AGGTGAAGGT	TGCAGTGGCC	TGAGATCGCG	AAACAGAGCG	AGACTCCATC	60	
25	TCAAAAAATA	AATAAATAAT	AAAATTGGCC	GTTCACGGTG	GCTTATGCCT	GTAATCCCAG	120
	CACTTGGGT	GGCCGAGGCG	GGTGGATCAC	CTGAGGTGAG	GAATTGAGA	CCAGCCTGAC	180
	CAACATGGAG	AAAACCCCGT	CTCTACTCAA	AATACAAAAT	TAACCGGGCG	TGGTGGCGCA	240
	TGCCTGTAGT	CCCAGCTACT	TGGGAGGCTG	AGGCAGGAGA	ATCACTTGAA	CTCAGGAGGC	300
	AGAGGTTGCA	GTGAGCTGAG	ATCATGCCAT	TGCACTCCAG	CCTGGGCAAC	AAGAGTGAAA	360
30	CTCCGTCTCA	AAAAAAAAAAA	AAAAGAGATG	TTTTTCATTT	TTTTCATGTT	ATCTATCCAA	420
	GCACGTGTTCC	ATGGTCAGCA	AGTCATATT	CATAATGTGG	ATTTTCCAAA	ATAATTATTG	480
	AATACAGCTA	TTCTATGGCT	ACTTTTAGTG	TTTTTGTGGT	ATGTGGTGTG	GGAGTGTGTTA	540
	TGGAATTACC	AGTATCTTAA	ATTTCAAAG	GAACCTTGGA	AGTCTATCAC	TCTAAATGAA	600
	AGTCTGTCAC	TCTACATGAA	TTATGTGCTC	AAATTTGACC	AACTCAGTTT	AAGACACAAA	660
35	ACAGTAATT	GAAGAAGGAA	AAATGAAGAG	AGTTTCTAGT	TTAATGGTT	AAATTTTG	720
	TGTTGCAATA	GTAAGTTAG	TCTTCTTATA	ATATTCTAA	ATGAAAAATC	ATAGGTATTT	780
	GTTACCATGT	GTGAAGATTA	CTTTGTTAAA	AGCAAAAGTG	GTCGTGTGAT	ATGCTAAATG	840
	TTAATTACTG	ATTTTATATG	TTTAAATCAC	GCCAAACAAA	TTATGTCTGT	GCCATCCAGG	900
	GTCTGTTGTT	AATCTTTTC	TGAGTACTTG	GATTGGGATA	AAGGGCTTGT	ACTATGCACT	960
40	TTTTATTAAT	GAATAAATAG	AAAACGTTAG	TAACAAAAAA	AAAAAAAAAA	AA	1012

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1206 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

15

TGAGACGGAG	TCTCGCATCT	GTCGCCAGG	CTGGAGTGCA	GTGGCGGGAT	CTCGGCTCAC	60
TGCAAGCTCC	GCCTCCGGG	TTCACGCCAT	TCTCCTGCCT	CAGCCTCCCA	AGTAGCTGGG	120
ACCACAAGCA	CCCGCCACTA	CGCCC GGCTA	ATTTTTGTA	TTTCTAGTAG	AGACGGGGTT	180
TCACCGTTT	AGCCGGGATG	GTCTCGATCT	CCTGACCTCG	TGATCCGCC	GCCTCGGCCT	240
20 CCCAAAGTGC	TGGGATTACA	GGCGTGAGAC	CGCGCCCCAC	ACTATGAGTG	TTTTAACAC	300
CATTCTCCCC	CACTTCTCTC	CTGGGTGACA	TAAGAGAGAA	ATAACCNTGT	AGTACAGCAG	360
CTAAAGTATT	CTCCTTTCAG	AGAANNTTT	TTTGGAGGTC	TCTAATATAT	ATTTC CCCCCN	420
TTGTCTCTGT	GATCTCTTAT	TTATACTATA	TTATTGTC	ATGTACTTT	TAAACTGAGC	480
TTGGAACATT	TAGTATTCC	GCAATTGGAC	TTCCC ACTTA	ACAATTATAAC	AGACTTTGCT	540
25 TTTAGAAATA	GATTAGGTC	CAAACAGAAA	GTT CNAANGT	GTAACAACNA	ACAATAAAAAA	600
TAGATTATGA	AACANGGCTA	TAATTGGCTC	TTTTGGATT	NGATAGGGC	AAGATGAAAG	660
GNCAACNTT	CTTGCNTTT	GAAANNTCAT	NGTTNGGGTA	ANGAGGTAAG	GNAATNCAG	720
CTANCAATT	TNATTAGTGC	TTGNAANCG	GGCTTNCC	NGAATT CNTC	CANGNNCCCT	780
ATCATT	TTTCTTNAC	TAATNCAGAA	GAGAGNCTGG	GGTAGAAGNC	CCCATNGTT	840
30 GTATTCCNAT	GAAACACNGT	CGGGTTGGNA	GTAAAGCAA	AAACAGCNTA	GACACACCAG	900
GN TGTGTCTG	NNTTTGACAT	TTATAAGCTG	GCACTCATCA	ACACTCCTGT	TTCTCCTT	960
TCTGGGACGT	GTGGATTAAG	GGGTGTGAGT	TGTGGGAAAGA	ATTGNCCCTC	GTACCTCCTG1020	
GATTATTAT	TTTCTCAAA	TACCAACCNA	GTAAGATCCC	AAATAACTTG	AGAAAATTG1080	
TTTCCTGATC	TGTCCACTTC	TGGTGTCAA	GATTTTACTC	ATCTTCTTAG	TACATTCTAT1140	
35 GTATTTTATA	TGTATAATT	TNATACAATT	AAAAATAGAT	TTTGTNCTA	GTNGAAAAAA1200	
AAAACA					1206	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2514 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

AAGGTGAAGA	GCGGCATCCG	GCAGATCCGG	CTCTTCAGTC	AGGATGAGTG	CTCCAAGATC	60
GAGGCCCGCA	TCGATGAGGT	GGTGTCCCGC	GCCGAGAAGG	GCCTGTACAA	CGAGCACACG	120
GTGGACCAGGG	CCCCCCTGCG	CAACAAGTAC	TTCTTCGGCG	AGGGCTACAC	GTACGGGCC	180
CAGCTGCAGA	AGCGCAGGGCC	GGGCCAGGAG	CGCCTTTAC	CCGCCGGGCG	ACGTCGACGA	240
15 GATCCCGGAC	TGGGTGCATC	AGCTGGTGT	CCAGAACGCTG	GTGGAGCACC	GCGTCATCCC	300
CGAGGGCTTC	GTCAACACGG	CGGTATCAA	CGACTACCAG	CCCGGCGGCT	GCATCGTGT	360
CCACGTGGAC	CCCATCCACA	TCTTCGAGCG	CCCCATCGTG	TCCGTGTCT	TCTTAGCGA	420
CTCTGCGCTG	TGCTTCGGCT	GCAAGTTCCA	GTTCAAGCCT	ATTGGGGTGT	CGGAACCAGT	480
GCTTTCCCTG	CCGGTGCAGCA	GGGAAAGCGT	GACTGTGCTC	AGTGGATATG	CTGCTGATGA	540
20 AATCACTCAC	TGCATACGGC	CTCAGGACAT	CAAGGAGCAGC	CGAGCAGTCA	TCATCCTCAG	600
GAAGACAAGA	TTAGATGCAC	CCCAGTTGGA	AACAAAGTCC	CTGAGCAGCT	CCGTGTTACC	660
ACCCAGCTAT	GCTTCAGATC	GCCTGTCAGG	AAACAACAGG	GACCCCTGCTC	TGAAACCCAA	720
GCGGTCCCAC	CGCAAGGCAG	ACCCTGATGC	TGCCCACAGG	CCACGGATCC	TGGAGATGGA	780
25 CAAGGAAGAG	AACCGGCGCT	CGGGTGTGCT	GCCCCACAC	CGGGGGAGGG	GTAGCTTCAG	840
CTCTGAGAAC	TACTGGCGCA	AGTCATAACGA	GTCCTCAGAG	GACTGCTCTG	AGGCAGCAGG	900
CAGCCCTGCC	CGAAAGGTGA	AGATGCGGCG	GCACTGAGTC	TACCCGCCGC	CCTCCTGGGA	960
ACTCTGGCTC	ATCCTTACGT	AGTTGCCCCCT	CCTTTGTTT	TGAGGGTTTT	GTTTTGTTTC	1020
ATTGGGGGGT	TTTGTTTTT	TGTTTTTGT	TTTTTTGAT	TCTATATATT	TTTCCTGGT	1080
TTTGTGCGCT	TTTAAGGCTG	AAGAATAGAA	TTGCCAGGA	CCTAGGTTCT	CATATTCTG	1140
30 GTATTCCCTCC	TGGATGGAAA	GGCTGTTGGC	ATCAATAGGG	GACAGAGGCT	GATGCTGGAG	1200
TGGCCAGTAG	AGGTGGTGG	GCAGAGCAGC	CATCTTTAA	GTGGGGCTGT	ATCAGGCTGG	1260
GTTTATTTAA	AAGCAACAAA	ATGTTTGGT	TAAGAAAATT	ATTTGCTTT	CAGTGTAAAT	1320
CTTCGAGTG	TTCTAAACAA	AGTCAGTCT	TCTGCTCGCC	CCTTCCCTC	ACTGATGTCT	1380
35 GCACTTGGTT	GAGGTCTCT	GGAGCCTCAC	AGGCTCTGCT	GTTCTCCACT	TCTCACCTGC	1440
CATCCACGCC	CTGCAAGCTC	ATGCAAACAC	CCTTCTTCC	TCCTGCGGCA	GAGTTGTTCA	1500
GGTTGCCTGG	GCAGGGGCTT	AAACAGTGCC	AGCCCCTGCC	ATCCCAAAGC	TATTGTTAAG	1560
CCCCCAGGC	GTCCTCCACC	CACGCCACT	AGCCTGCCAT	GTCCACAGTT	CCTTGGGCTG	1620
CTGAGGGGCT	AGTGCAGTGG	TCCTGACCTC	TCTTATCAAG	AGCACACTTC	TTGCTGGTT	1680
40 GCTCCTTTG	AGCATATGCG	TGTGATTATT	TGGAACAGTT	AGACTTGCCA	CGTTGGGTCA	1740
GTTTAGAAA	TTGTTCTAG	CTAGAGGGAC	TGGTGTCTT	CCAAGTCTAG	CATTTGGGGT	1800
ATGGAAAATT	GTTGTGGTGT	GTGGTAGGGT	TTTTGTTTC	TTTTTGAGT	TTTTTTCCC	1860
CCTTTAGTCT	CCTGGCTTT	TCCTTCCCT	TCCCTCTCC	ACTGGCCAGC	TTGGGCCTCA	1920
TCCTCATGTC	ATCCTTCTAG	GAAGGCGCT	GCCCCATCTT	GTCTGCCGGC	AGCATGCATC	1980
CAAGGCCAGA	GCTCAGGCT	GCAGACTGGG	CTGGTGCCTC	CTCCGCTTCA	GGGTATGGGA	2040
45 GTTGGTGAAG	GGGCTTCAA	AAAATAATAA	GAAAAAAAG	GTAAAGTCTT	TGGTAGCTTC	2100
TATCCACTCA	GATCCTGGAA	GGCAGCAAGG	TTTGTGGAT	CTAGATTCTAT	TAGGAATGTC	2160
TTCTTGTCA	CCAGGCCAGG	ACCCGGGCTT	GCCAAGAGCA	GAGGCCCTCC	CAGCAACCAG	2220
GATACCACCA	CTTGGGGGGC	TTTGTGTACA	GAGGTCCGGG	TCTGAGACCT	CATAGGCTGC	2280
AGAAATCTGG	GGCAGGCCACC	ATCAAGAACG	CCCTCTCAGG	GGCCAGAACT	CCTTGCAG	2340
50 CGTGGATTT	TCAAGTCGGG	ACTGCATAAT	TAAAGCAGTT	GCAGTTTAT	TTTTTTACA	2400
GCTTTTTCC	CAAAAATGAT	TTGTAGTTGT	GTGTGCAGCA	CTTCGCCCTG	ATATGTGTG	2460
TCTACAATAA	AAACCAAATC	TAATATATT	TGAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAA	2514

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:3903 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

```

GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGCGGCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC 60
CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG 120
25 CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG 180
TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAACG CCCCTCTGCC TGTGTATACT 240
CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG 300
GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAAGCAA TATTCAATT 360
GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTT TGAACGAGAC 420
30 CAATCTGTTG GAGACCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT 480
GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACCTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC 540
TATCAGCAGA AGCTCTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT 600
GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATT TGGCCTATT 660
TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGAGAC TATGTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC 720
35 CTTAACTTTA CAAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA 780
GACAAGTGCA ATATGATTA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA 840
GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAGGT CAGTGTATAT TACTTCAGT 900
GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCGTGCC TTTCGGTATA AAGTTCCCTGC AGAAATATTA 960
GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA1020
40 GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTT CCCACACTT1080
TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTCGTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC1140
CATGAGACAT TTGTTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAGC AGCCAAGAGG1200
TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA1260
ACCATGGTTT TCCCAGTGT GTACCTCAAT GAGAGTGTTC ACATTGATAA AGAGACGGCG1320
45 AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC1380
ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTGGTT TTTACCTGGC TTGCGATGCAA AGGACAGGG1440
TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTGCAACCTA AACATTGCCT1500
TTGCTGGTG AAGAAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT1560
CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT1620
50 GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTT1680
ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAAC1740
CTTGTATAGT AAAAAGAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTG TGACCACTAT1800
TGTGGGTAAA ATGTCTCTGC ATCACTGTT AATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAAGTATG1860
CTTCATTACAC CGAACCTTGT GCTCAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCCCTC1920

```

ATTTCACTTG CAAAACAGAA GTAAATAAGA GTTCGGGACC CAGGGTAAAA TGGTAGCTTC1980
 ATCCAATATA TCATTCAAAT GCATCTGATT TCTAAAACAT ATTACATTT ATGCTGATCT2040
 TCAGTCATA ATTCTTCCAG GAAAACTCAG TCTTCCAAC TGCATAAAAT ACTGGGTAGA2100
 ATCAAATGGG AAAGGGGTG GGTGGGGCAA TACCCATGAG TTGATAGTGA TAAGCTCCTA2160
 5 AGGATTTTA ACTTGTACTT TTGTGAACGA AGAGAACGCA TAAATAATGT TGGTGAGGAT2220
 AAAGTACAGA TATTCATGT AGAATTAATT GCTAGTTATG ATGCTTGTGG ATAGTTAACT2280
 GTTTTTTT TAGTCAAAAT GATCATGCTA CGAAAAGATG CTTCTGAGAG AATGTAATGA2340
 GTAACTGATT TTTCTTCCTG AGTCGCCCTT GCCAAATATG TTACTGTATT AATTAAATCTA2400
 10 ATATTGAGTG ATTATTTGTA AAATTATGAA TATGGGAAAT CCATCTATCT ACAGCTAAG2460
 TTACACATAA GTTTCAGAAA GTCTGATTAG ACTAAAGAGA TATTTCTTCT GGGACAGCCT2520
 TCTTCTTGGT AATTTGAAG TTCTTTTAC AAGTTCCTTC CTCAGTTCA GTTCTTCCA2580
 GTGTTTGTA GCTCACTGTC ACTCACTGAA TAGAGAACG TGTCCTCTAT ACTTCCTGTG2640
 ACAATCATTT TGCTGACAGA ATGATGGATG TTTAAATAT TGACAAAGT ACTTTAAAGA2700
 15 AAGGCTCTGTT AGGACCAGAA GCAGAGACAC CACTTTCAA AGGACTTCTT GGTTTCAGCA2760
 TAACCTAAGA CAGGGAAATTG GGAGCCATCA TATGTCACAG TGGTCAGAAT TCAAGCATAT2820
 TTAAGGGCAT TTTCTTGAT TCTCAAAGTT CAGCATTCTAT TTTGAATTGA GAAGCCTATA2880
 CATTTAGCTG ACAAAAGTGCT TATAGAATT TCTAACAACT GAACCATTC AAAGGATTTT2940
 TTTTGTAA AACTGGATT CAATGTAAGC AAATGAAGAA AAAATATAGA TTTCATTTCC3000
 20 ATAGCTTCTT ATCCCCTGTAT TGAGGTAATA AATTGTTTA CTGACAATT TTCCCTTTTC3060
 TACACTAAAA CAATATGTGA TATATTTCCC CTCTTGAAGA GGCATTCTAT TAAACTCTCA3120
 AATTTCTAT AGAATCAAGA TAGAACCTTT AGATACTCCA ACTCACCAAA ATGAAAAAA3180
 ACTAACAAAA ATATTTGGTC TTCAATAATG CTAAATATCT ACATTTTTAG AATTTATCAA3240
 25 CATTAACTA GATAATTGGG CATGCTTAA TTATGCAATGT ACTTATCCAT ACTAATAAAA3300
 TTGACAATGC TAGTGCATAC TTATTGGTT AGTCCTATTA TCAGGATATA ATCATCTGTG3360
 AGGAGGATAT TTAAATACT GTAAATGATA ACAGTTAATG ATATACACAT TTAGACTGAG3420
 TTGCACACTG GCAGGGAGAC CAAACACATT ACTTCCATAC TTGTGTCTAT ATTCTTTTT3480
 TTTTGAGAGA GTCTCACTCT GTGCCAGGC TGGGAGTACA GTGGCATGAT CTCGGCTCAC3540
 TGCAACCTCT GCCACCCAG GTCCAAGTGA TTCTTCTGCC TCAGTCTCCC GAGTAGCTGG3600
 30 GACTACAGGC ACCCACGAGC ATGCCTGGCT AATTATGTA TTTTTAGTAG AGACGGGGTT3660
 TCACCATGTT GGCCAAGCTG GTCTCAAAC CCTGACCTCA AGTGATCCAC CCACCTCAGC3720
 CTGCGAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG CCACTGCGCC CACCTTCTAT TTTCATCTTC3780
 TTTTTAAGGA ATTAATTATT TGAATATGGC AAACATCCAC ATGGGGCCTA AAGTCAAATA3840
 ATGTAAGCG ATACATTAAA AGGGCTTTAC TTCCCACCTC TTTAGGTCTT AATTCAAGTCA3900
 35 GTT 3903

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:** 1730 Basenpaare
- (B) TYP:** Nukleinsäure
- (C) STRANG:** einzel
- (D) TOPOLOGIE:** linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS:** MENSCH
- (C) ORGAN:**

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

	GCATTTCCTGC	CATCGCCCAC	CGTGGCGGCA	CAAGCGGCAG	CCCGAGAACAA	CGCTGGCGGC	60
	CATTCCGGCAG	CTAAGAATGG	AGCAACAGGC	GTGGAGTTGG	ACATTGAGTT	TACTTCGGAC	120
10	GGGATTCTCTG	TCTTAATGCA	CGATAACACA	GTAGATAGGA	CGACTGATGG	GACTGGCGA	180
	TTGTGTGATT	TGACATTGAA	ACAAATTAGG	AAGCTGAATC	CTGCAGCAAA	CCACAGACTC	240
	AGGAATGATT	TCCCTGATGA	AAAGATCCCT	ACCCTAAGGG	AAGCTGTTGC	AGAGTGCTA	300
15	AACCATAACC	TCACAATCTT	CTTGATGTC	AAAGGCCATG	CACACAAGGC	TACTGAGGCT	360
	CTAAAAGAAAA	TGTATATGGA	ATTCCTCAA	CTGTATAATA	ATAGTGTGGT	CTGTTCTTC	420
	TTGCCAGAAG	TTATCTACAA	GATGAGACAA	ACAGATCGGG	ATGTAATAAC	AGCATTAAC	480
20	CACAGACCTT	GGAGCCTAAG	CCATACAGGA	GATGGGAAAC	CACGCTATGA	TACTTTCTGG	540
	AAACACTTTA	TATTGTTAT	GATGGACATT	TTGCTCGATT	GGAGCATGCA	TAATATCTTG	600
	TGGTACCTGT	GTGGAATTTC	AGCTTCCTC	ATGCAAAAGG	ATTTGTATC	CCCGGCCTAC	660
	TTGAAGAAGT	GGTCAGCTAA	AGGAATCCAG	GTTGTTGGTT	GGACTGTTAA	TACCTTGAT	720
25	GAAAAGAGTT	ACTACGAATC	CCATCTGGT	TCCAGCTATA	TCACTGACAG	CATGGTAGAA	780
	GACTGCGAAC	CTCACTTCTA	GACTTCACG	GTGGGACGAA	ACGGGTTCA	AAACTGCCAG	840
	GGGCCTCATA	CAGGGATATC	AAAATACCC	TTGTGCTAGC	CCAGGCCCTG	GGGAATCAGG	900
30	TGACTCACAC	AAATGCAATA	GTTGGTCACT	GCATTTTAC	CTGAACCAAA	GCTAAACCCG	960
	GTGTTGCCAC	CATGCACCAT	GGCATGCCAG	AGTTCAACAC	TGTTGCTCTT	GAAAATCTGG1020	
	GTCTGAAAAA	ACGCACAAGA	GCCCCCTGCC	TGCCCTAGCT	GAGGCACACA	GGGAGACCCA1080	
35	GTGAGGATAA	GCACAGATTG	AATTGTACAA	TTTGCAGATG	CAGATGTAA	TGCATGGGAC1140	
	ATGCATGATA	ACTCAGAGTT	GACATTTAA	AACTTGCCAC	ACTTATTTC	AATATTGTA1200	
	CTCAGCTATG	TTAACATGTA	CTGTAGACAT	CAAACCTGTG	GCCATACTAA	TAAAATTATT1260	
	AAAAGGAGCA	CTAAAGGAAA	ACTGTGTGCC	AAGCATCATA	TCCTAAGGCA	TACGGAATT1320	
40	GGGGAAGCCA	CCATGCAATC	CAGTGAGGCT	TCAGTGTACA	GCAACCAAAA	TGGTAGGGAG1380	
	GTCTTGAAGC	CAATGAGGGA	TTTATAGCAT	CTTGAATAGA	GAGCTGCAA	CCACCAGGG1440	
	GCAGAGTTGC	ACTTTTCCAG	GCTTTTCTAGG	AAGCTCTGCA	ACAGATGTGA	TCTGATCATA1500	
	GGCAATTAGA	ACTGGAAGAA	ACTTCCAAA	AGATCTAGGG	GTATGCTCAT	GGTGCAAAGT1560	
45	GGGGGAACTA	AACTCTTAGG	GGAGAAGAGG	GGGTGACCCG	CAAAGAGAC	GAGATTAGAG1620	
	GGAACGAGAG	GGGGAAGCCG	GAGAGTCCAG	GAAATAAGGA	GGTGAAGAAA	GAAGGTTGTT1680	
	TAAGGCGAGC	TGGGGAAGTT	GGAAGCCGA	AACTGAAAG	GAGGATAAAA		1730

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 3439 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

```

CAGATTTGC CGGCTTTAT CCTTTTATT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60
GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGCAA 120
10 GAATATTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGAA 180
GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
AACCCGTGTT ATGAGTATCA GATATTAAA GCTATCTTC AAACTATTCA AAATCGTAAT 300
CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCAG AATCCAAAT GATTGAGAAG 420
15 CATGGAGGAT ACAAAATTCAAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTCAATTG TGGAGGCCA 480
GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTC TTTCCTGCTG TGTGCTGTAA GTGAAGAGCT 540
TGTGTCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAACT GGTTCATGTT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
CAATAGATGG ACAAAAGAAA CAACAAACCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
20 GTATTTCCTT TATTTTGTAGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTT TCTTTTCTG AGGAAAAAAAT 840
AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAAATGT CTCATTACA GTATAAAACT CAAAGGTAGA 900
TGTAAATTTT ACACCTATGA GTATTGTCC AATTCTGTC TCTCCTCAC CATTGGGTAT 960
CTATTCTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCACT CTTCATCATT1020
25 TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT1080
AAAAATCTGT AAATGAATTAA GCACCTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1140
AATAGCAAAA TGTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATT1200
CAAGTATTAA ATTAAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCAC1260
ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC1320
30 TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT1380
ATTGAAATAC CAGACCTTAC TGTAACCAAAAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1440
GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG1500
CAATCTTAA AAAGAAACTTA ATTGGCCTAT TATGTCTGTA TTTGATTGCA GTTTTCTC1560
AATTATAACA AATTTTCTT CATTGGCCTG TTTTAATCC TGTGCTAGA AGGAGTACAA1620
35 AATGCACACT TTACAAAATT GATATTAAAC ACTTACCCAC TCCCCTTCC CCATCTCTTC1680
TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTC1740
CCTCCAAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAGA TACTGTAGAG1800
AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCTTAAC GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT1860
TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTT ATATACATGT ATACACAAAA1920
40 TATTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA1980
ACAGGTGAGA AAAAAATTAA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAAATGC2040
GTAATTAAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTGTAT ACCAATAATT AAGCCACTAC2100
TGTGCACT GTTTGGTTT CTATTTAAAC ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT2160
ATGAATTTCAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGT2220
45 AAAACTGTTA ATCAAGTGT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA2280
CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAATGAAG2340
TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA2400
TTCTCGTCTT CCTTACCTT TAATCCCCTA ATACCTAGTC TACTTTTAA ATTTCAGAC2460
TTCACTGCTT TTTGAATTCA TAATTCTAAT TTTCACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT2520
50 CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCACATGCAC AGTATGAAA TTCTCATTTG CTGAGGTTTT2580
GTTTCAAGAA ATGTATTGG CATGTCTTG AGAACATGTT TTATTGTCCTC CTGTGTCTA2640
TAATCCTAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTGAAA TTAGACCTTA TAATTAAACT2700
ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTCTA ATGCATCAA TATATACCTC AGTTTCATG2760
ATTTCTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTCTAG2820
55 ATGAGGCTGC AGGATTTTG GAAAACCTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAAATT2880
AGCTACATAG GGACTTGCTT TTTTTCTT TTACATACAG CTTTCTAC AGTTTATTAA2940
CCCTGTAATT TTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT3000

```

GTCTTGTGTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACCTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTT3060
 TTTCTGAAA AAGCCTTCT ATTATCAGT ATTAATAAA GGAAGTTAAT CTGTTCTCT3120
 GCAGGTAATA AAATAGTGAC ACACGTATT AAGATAGTGA CTGCTATACT CAACTCTGGA3180
 AGAGACTAGA GTATAGAGCA TGAGTGGCAA ACCACAGCC CTTGGGCCAT ATGCTGCTAT3240
 5 TCAGTCCCAG ATGTAGCCCC TGAAGCAAGC ATAAAGAAAA ATGAATTAAA AATTAAATTA3300
 ATATGGAAAG TAAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGAT3360
 CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTG TAAAATAAT GACTTAAATT3420
 TAAAACATCA AAAAAAAA 3439

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 378 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFLL AGAGGAGAGA APGPHLPPRG SVPGDVRIH	60
30 CNITESYPAV PPIWSVESDD PNLAALVLERL VDIKKGNLTLQHLKRIIISDLCKLYNLPQH	120
PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEPAEGK KSEDDGIGKE	180
NLAILEKIKK NQRQDYLNGA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKGNNYA VELVNDSLYD	240
WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPFFVRVV SPVLGGYVL	300
GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQS YKSL	360
35 VQIHEKNGWY TPPKEDG*	378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
 5 LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL 120
 QRFKAWSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL 180
 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEM CKESDHIIHII ALAQALSVSI 240
 QVEYMDRGEQ GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK * 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
 ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEV LDSPSTLDEV LEELALALQV 120
 30 ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL 180
 ALGRHSLEPL QILLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS 240
 ILLV* 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 35 (A) LÄNGE: 294 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

50 MLAARLVCLR TLPSRVFHFA FTKASPVVKN SITKNQWLLT PSREYATKTR IGIRRGRTGQ 60

ELKEAALEPS	MEKIFKIDQM	GRWFVAGGAA	VGLGALCYYG	LGLSNEIGAI	EKAVIWPQYV	120
KDRIHSTYMY	LAGSIGLTAL	SAIAISRTPV	LMNFMMRGSW	VTIGVTFAAM	VGAGMLVRSI	180
PYDQSPGPKH	LAWLHSGVM	GAVVAPLTL	GGPLLIRAAW	YTAGIVGGLS	TVAMCAPSEK	240
FLNMGAPLGV	GLGLVFVSSL	GSMFLPPTTR	GWCHSILSGN	VRWISSFQHV	PSV*	294

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 10 (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

MERELNHEKE	RCDQLQAEQK	GLTEVTQSLK	MENEFFKKRF	SDATSKAHQL	EEDIVSVTHK	60
AIEKETELDS	LKDKLKKAQH	EREQLECQLK	TEKDEKELYK	VHLKNTEIEN	TKLMSEVQTL	120
KNLDGNKESV	I THFKEEIGR	LQLCLAEKEN	LQRTFLLTTS	SKEDTCFLKE	QLRKAAEEQVQ	180
ATRQEVVFLA	KELSDAVNVR	DRTMADLHTA	RLENEKVKKQ	LADAVAEELKL	NAMKKDQDKT	240
DTLEHELRR	VEDLKLRLQM	AADHYKEKFK	ECQRLQKQIN	KLSDQSANN	NVFTKKTGNQ	300
QKVNDASVNT	DPATSASTVD	VKPSPSAAEA	DFDIVTKGQV	CEMTKEIADK	TEKYNKCKQL	360
30 LQDEKAKCNK	YADELAKMEL	KWKEQVKIAE	NVKLELAEVQ	DNYKELKRSL	ENPAERKMED	420
GADGAFYPDE	IQRPPVRVPS	WGLEDNVVCS	QPARNFSRPD	GLEDSEDSKE	DENVPTAPDP	480
PSQHLRGHGT	GFCFDSSFDV	HKKCPLCELM	FPPNYDQSKF	EEHVESHWKV	CPMCSEQFPP	540
DYDQQVFERH	VQTHFDQNVL	NFD*				564

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 40 (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60
 TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120
 LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL 180
 5 KFFFYSEIME LVLAAAGALL FCGFIYYDTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL 240
 RFLEAVNKK* 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- 10 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNQIQKEK 60
 TWNGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI 120
 LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V* 152

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- 35 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLDDFVL VLALFLIFFY 60
 YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMGKCLCR GAELSCLCSF FPPLLPLHTP VAGRNLGFPE 120
 50 SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLFWSFWAV * 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- 5 (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:

GRPGQSPAGA EEPGPRDSSA VITQISKEEA RGPLRGKGDQ KSAASQKPRS RGILHSLFCC	60
20 VCRDDGEALP AHSGAPILLVE ENGAIPKTPV QYLLPEAKAQ DSDKICVVID LDETLVHSSF	120
KPVNNADFI PVEIDGVVHQ VYVLKRPHVD EFLORMGELF ECVLFTASLA KYADPVADLL	180
DKWGAFRARL FRESCVFHRC NYVKDLSRLG RDLLRVLILD NSPASYVFHP DNAVPVASWF	240
DNMSDTELHD LLPFFEQLSR VDDVYSVLRQ PRPGS*	276

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- 30 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:

MFYLAAVVSD FYVPVSEMPE HKIQSSGGPL QITMKMVPKL LSPLVKDWAP KAFIISFKLE	60
TDPAIVINRA RKALEIYQHQ VVVANILESR QSfvfivtkd SETKLLLSEE EIEKGVEIEE	120
45 KIVDNLQSRH TAFIGDRN*	139

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 50 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

PYRQGCPGAA GQAPGAPPGS YYPGLPSGTP GGPYGGAAPG GPYGQPPPSS YGAQQPGLYG 60
QGGAPPNVDP EAYSWFQSVD SDHSGYISMK ELKQALVNCN WSSFNDETCL MMINMFDKTK 120
SGRIDVYGF S ALWKFIQQWK NLFQQYDRDR SGSISYTELQ QALSQMGYNL SPQFTQLLV 180
RYCPRSANPA MQLDRFIQVC TQLQLTEAF REKDTAVQGN IRLSFEDFVT MTASRML* 238

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 25 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

TNICILSGAS PKVTNGWAQI NFSFASHRVA HCGKPELVRT PVCVFLIHTN HNKQVCTHLY 60
EPHAKTRHSQ RSVTRVQQRN SRFDQNRPC C LLNCQLPLKN LQKKGHYKNS * 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10 FVKILKFGPL RIIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH 60
RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI* 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 15 (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 PQTTQCVRRA GLWVNShIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP 60
PPRLXQEGL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDTGREGPHC PLSVCLWFPCP 120
GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFc KSQSQCAESA STACAVAPQD 180
EVTSRTGGFM QTHRHC* 197

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 40 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

DQLGSGGHFS LHRLPEQTEE SSLIVAEPSL SPSAVSVCLH KPSCPGRDFI LRSHSTGRAG 60
 5 TFCTLALGLA EGLVLPWHQP LPVTSGQRRAV WTWALLNATC LPGLQVGRTR TEPQAHTEGA 120
 VWLPACPIPM PRPRGCGCCC ACPCDGSLSV QPVSFPLPRAE LPFLXESGRR CRLSWLLWGS 180
 RGTAITPPGQ * 191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

25 EKMEAEGEGA GWEDFFSTQT LTFQSILQMK NADYFSNYVT EDFTTYINRK RKNNCHGNHI 60
 EMQAMAEMYN RPVEVYQYST EPINTFHGIH QNEDEPIRVS YHRNIHYNSV VNPNKATIGV 120
 GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLEDKKRA TDWEATNEAI EEQVARESYL 180
 30 QWL RDQEKA RQVRGSPSQPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSRQGVQ PRHLSTLSCM 240
 LNWA* 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- 35 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

50 GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLG PDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
 LQRVPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKF DL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120

FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT 180
 HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS * 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

5

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL 60
 LLLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFT LMEDILHS* 109

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

30

- (A) LÄNGE: 372 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

MSFRKVNIII LVLAVALFLL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDE VPNALRHAVD 60
 GRQEEIPVVI AASEDRIGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNNTADHLR SWLNSDSLKS 120
 45 IRYKIVNFDP KLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI 180
 LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVIR GAGNQNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS 240
 FNPGVFVANL TEWKRNITN QLEKWMKLNV EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID 300
 PMWNVRHLGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWW IPDPTGKFNL 360
 IRRYTEISNI K* 372

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

MCLLQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE 60
AOGWKDPVAG GG* 73

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
 RRALKRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGTT 120
 SPPLYCGPKA PLEVVS 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

KHATEQEKE	EGLGPNVKGI	VTMLMLMLLM	MFAVHCTWVT	SNAYSSPSVV	LASYNHDGTR	60		
NI	LDDDFREAY	FWLRQNTDEH	ARVMSWDY	YQIAGMANRT	TLVDNNNTWN	SHIALVGKAM	120	
SSNETAA	YKI	MRTLDVDYVL	VIFGGVIGYS	GDDINKFLWM	VRIAEGEHPK	DIRESDYFTP	180	
15	QGEFRV	DKAG	SPTLLNCLMY	KMSYYRFGEM	QLDFRTPPGF	DRTRNAEIGN	KDIKFKHLEE	240
AFTSEHW	LVR	IYKVKA	PDRN	ETLDHKPRVT	NIFPKQKYLS	KKTTKRKRGY	IKNKLVF	300
KKISK	KTV*						KKG	309

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

IPEDPHIDES	KAKHQAIIMS	TSLRVSPSIH	GYHFDTASRK	KAVGNIFENT	DQESLERLFR	60
NSGDKKAEER	AKIIFAIDQD	VEEKTRALMA	LKKRTDKLF	QFLKLRKYSI	KVH*	114

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

40

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKD SK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPQLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP * 101

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

PRIPIVTLNMK MVMPSCQGLD * 21

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60
PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRSVV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120
50 EMAAVKEFLE KLLPPV* 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:

20 MWVLKLDRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV 60
LCFACSTDGV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L* 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 25 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:

40 ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDS VSGLCITSHW 60
SETPVCQAWI LHCKT* 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 45 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:

GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60
GVRLRTPFLWP EHKRHWHCKL SVTWPSSLSS ISPNCIAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:

VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60
LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT KLS 113

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:

5 PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS 60
 QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT* 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 10 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:

25 NSFKVVKKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHRS 60
 LIPSPLFNS* 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 30 (A) LÄNGE: 594 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:

45 VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC 60
 WSLRKEGLPV NNI FQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL 120
 KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMASFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA 180
 VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFL 240
 50 WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCYH 300
 TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPDKSPGD RLTEICTKIT DVVIDKVMIN LKTEEFVLD 360

NTLQALQQQL	QWVGDFVLYL	LASLPNQGSL	LRPGHSFLRD	GTSLGMLREL	MVVIRIWGLL	420
KPSCLPVYTA	TSDTQDSMSL	LFRLLTKLWI	CCRDEGPASE	PDEALVDECC	LLPSQLLIPS	480
LDWLPASDGL	VSRLQPQKPL	RLQFGRAPTL	PGSAATLQLD	GLARAPGQPK	IDHLRRHLHG	540
ACPTEECKAC	TRCGCVTMLK	SPNRTTAVKQ	WEQRWIKNCL	CGGLWWRVPL	SYP*	594

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
 10 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:

LRGTRHQSP	HROFLIQRCS	HCFTAVVLLG	DLSMVTQPHL	VQALHSSVGQ	APRCSLRRWS	60
ILGWPGLALAR	PSSCRVAALP	GSVGARPNCR	RRGCLGCRR	TRPSLAGSQS	RLGISSWLGS	120
RQHSSTSASS	GSLAGPSSRQ	QIQSLVSRRK	SRDMLSWVSE	VAVYTGRQLG	FRRPQMRTT	180
INSR SMPSEV	PSRRKLWPGL	SREPWLGRLA	SRYSTKSPTH	CKSCCSACSV	FMSSTNSSVL	240
RLIMTLSMST	SVILVQISVS	RSPGLLSGVL	RKWGRSSDFR	VEILMAMRKSL	VW*	293

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
 35 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:

TPALRARSLR	DRCARAPCPH	GGQQRRRRRL	NAEGAEGARG	GGSSYSEMAE	TVADTRRLIT	60
KPQNLIINDAYG	PPSNFLEIDV	SNPQTVGVGR	GRFTTYEIRV	KTNLPIFKLK	ESTVRRYSD	120
50 FEWLRESELER	ESKVVVPPPLP	GKAFLRQFLL	EEMMEYLMTI	LLRKENKGWS	SL*	173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (iv) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:

NYLGRFQPQW FNDNKTTKHG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF 60
20 LMPGISIHCL FKRPQMVKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP* 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- 25 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (iv) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:

MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL 60
40 YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- 45 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:

TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR 60
LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAYL PSPTKQIT* 119

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

20 (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL* 110

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:

SQLLGRLRQE NHLSGGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF 60
HGQQVIFHNV DFPK* 75

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:

RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL 60
25 QPSPLQF 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:

45 STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDX VSXEYKXWGL LPQXLFXISX 60
EKKNDRXXGX IXRXARFXST NXNX* 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:

15 MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXNTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPXXQ 60
ALXKIXSWXX LTSLPXX* 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

20 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:

35 RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC 60
RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNNSAVINDY QPGGCIVSHV 120
DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT 180
HCIRPQDIKE RRAVIIILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNR RDPALKPKRS 240
40 HRKADPDAAH RPRILEMDEK ENRRSVLLPT HRRRGFSSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP 300
ARKVKMRRH* 310

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

45 (A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:
 SCLPEDDDCS ALLDVLRPYA VSDFISSIST EHSHASPAHR QGKHWFRHPN RLELELAAEA 60
 QRRVAKEGHG HDGALEDVDG VHVGHDAAAG LVVVDDRAVD EALGDDAVLH QLLDHQLMHP 120
 VRDLVDVARR VRGAPGPARA SAAGPTCSP RRRSTCCAGG PGPPCARCTG PSRRGTPPHR 180
 CGPRSWSTHP D* 192

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

20 (A) LÄNGE: 479 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:

35 MGRCCFYTAG TLSLLLLVTS VTLLVARVFQ KAVDQSIEKK IVLRNGTEAF DSWEKPPLPV 60
 YTQFYFFNVT NPEEILRGET PRVEEVGPYT YRELRNKANI QFGDNGTTIS AVSNKAYVFE 120
 RDQSVGDPKI DLIRTLNIPV LTVIEWSQVH FLREIIEAML KAYQQKLFVT HTVDELLWGY 180
 KDEILSLIHV FRPDISPYFG LFYEKNGTND GDYVFLTGED SYLNFTKIVE WNGKTSLDWW 240
 ITDKCNMING TDGDSFHPLI TKDEVLYVFP SDFCRSYIT FSDYESVQGL PAFRYKVPAE 300
 ILANTSDNAG FCIPEGNCGLG SGVLNVSICK NGAPIIMSFP HFYQADERFV SAIEGMHPNQ 360
 40 EDHETFVDIN PLTGIILKAA KRFQINIYVK KLDDFVETGD IRTMVFPVMY LNESVHIDKE 420
 TASRLKSMIN TTLIITNIPY IIMALGVFFG LVFTWLACKG QGSMDEGTAD ERAPLIRT* 479

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

10	AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR	60
	LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NHNLTIFFDV KGHAHKATEA	120
	LKKMYMEFPQ LYNNSSVVCASF LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWLSHTG DGKPRYDTFW	180
	KHFIFVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFL MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNNTFD	240
	EKSYYESEHLG SSYITDSMVE DCEPHF*	267

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

20 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

35	QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDedWE	60
	EDDAEETALE GYSTIIDDED NPVDEYQIFK AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ	120
	DIATLADQRR AAHESKMIEK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APGMN*	166

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 20 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostata normalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 10 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 15 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 20 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 25 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 30 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 35 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-40 19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 45 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
5
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 10 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- 20 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
- 25 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 30 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 35 31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
- 40 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 45 34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- 5 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 10 36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

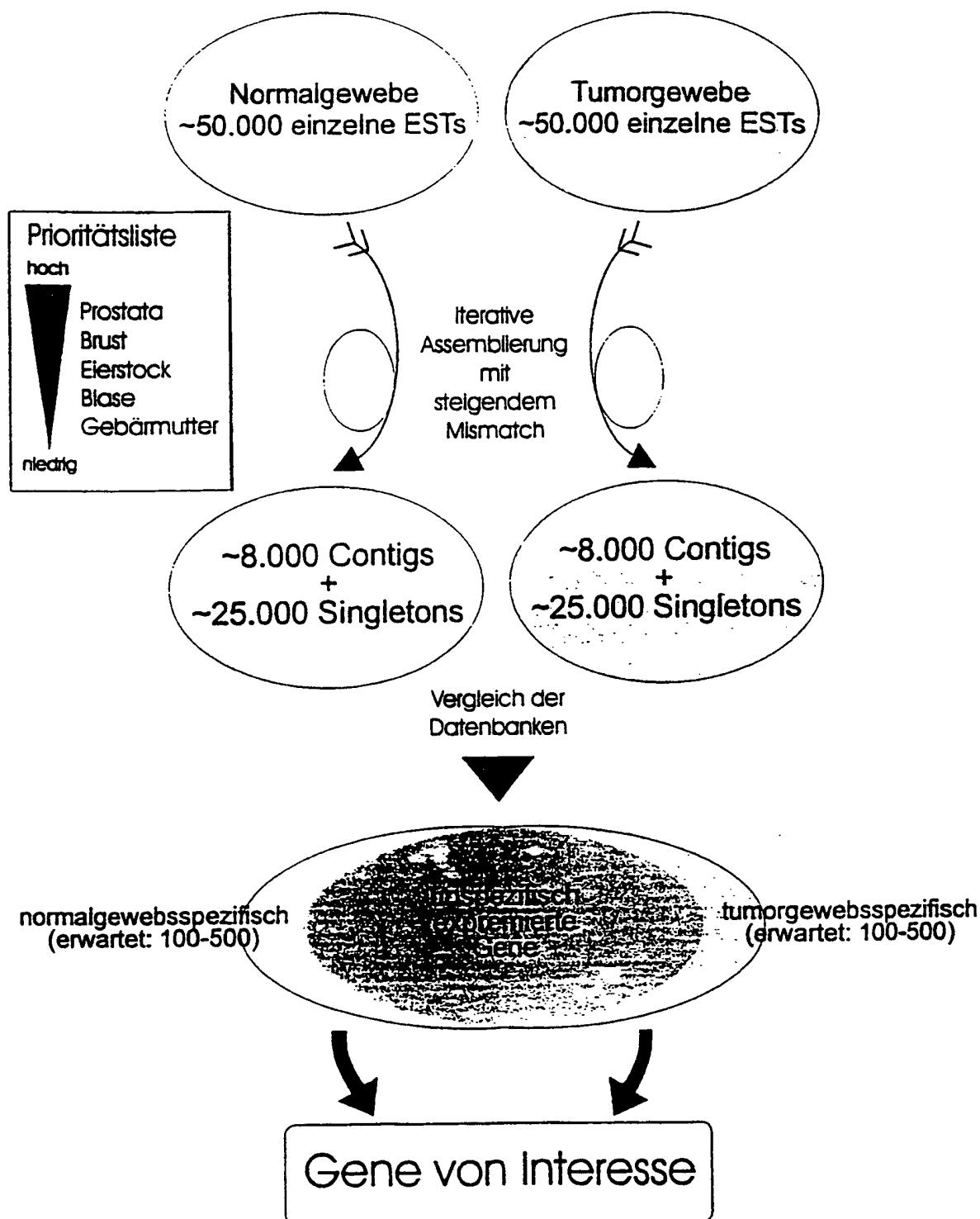
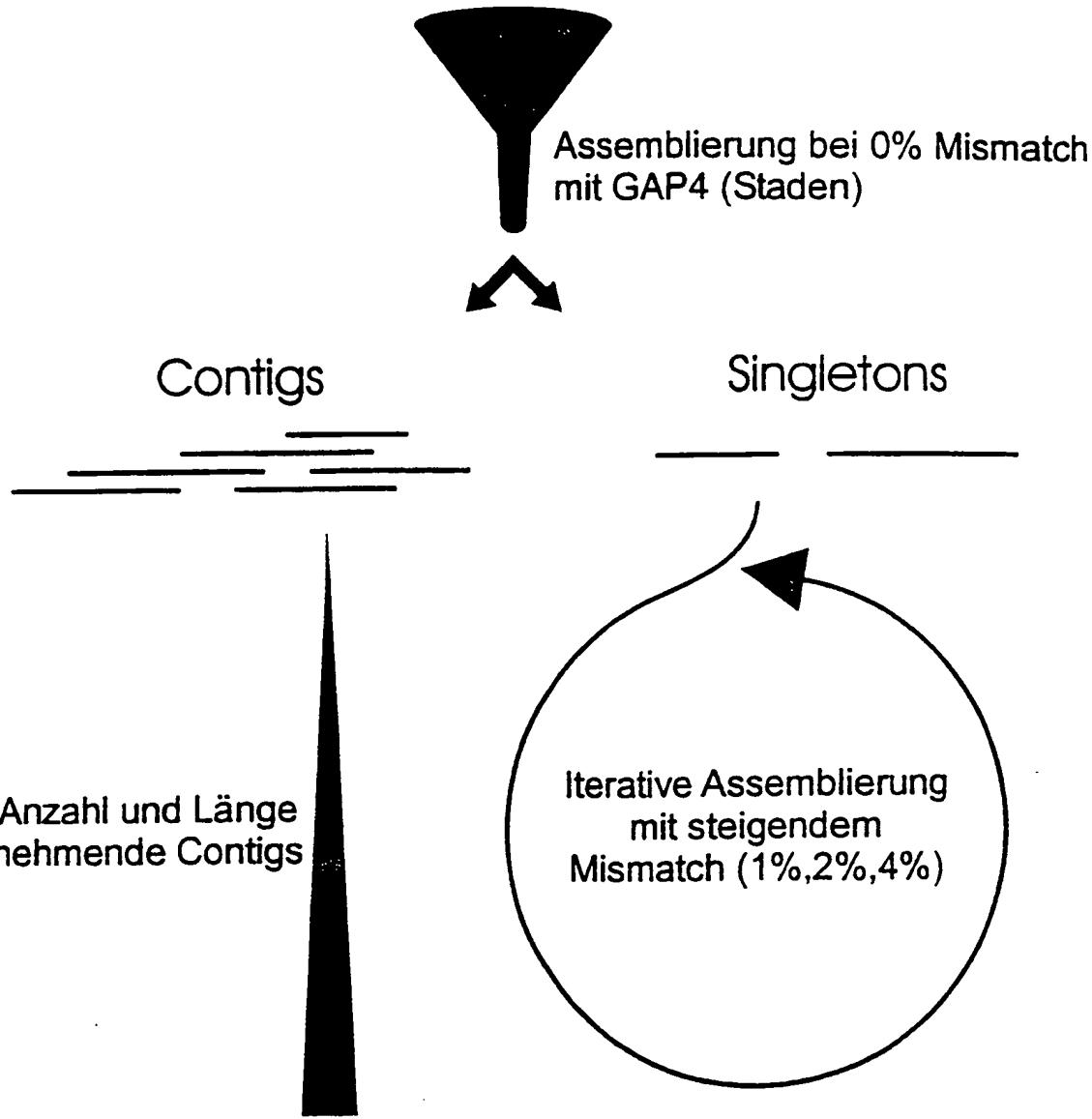


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

-50.000 ESTs pro Gewebe



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons

~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

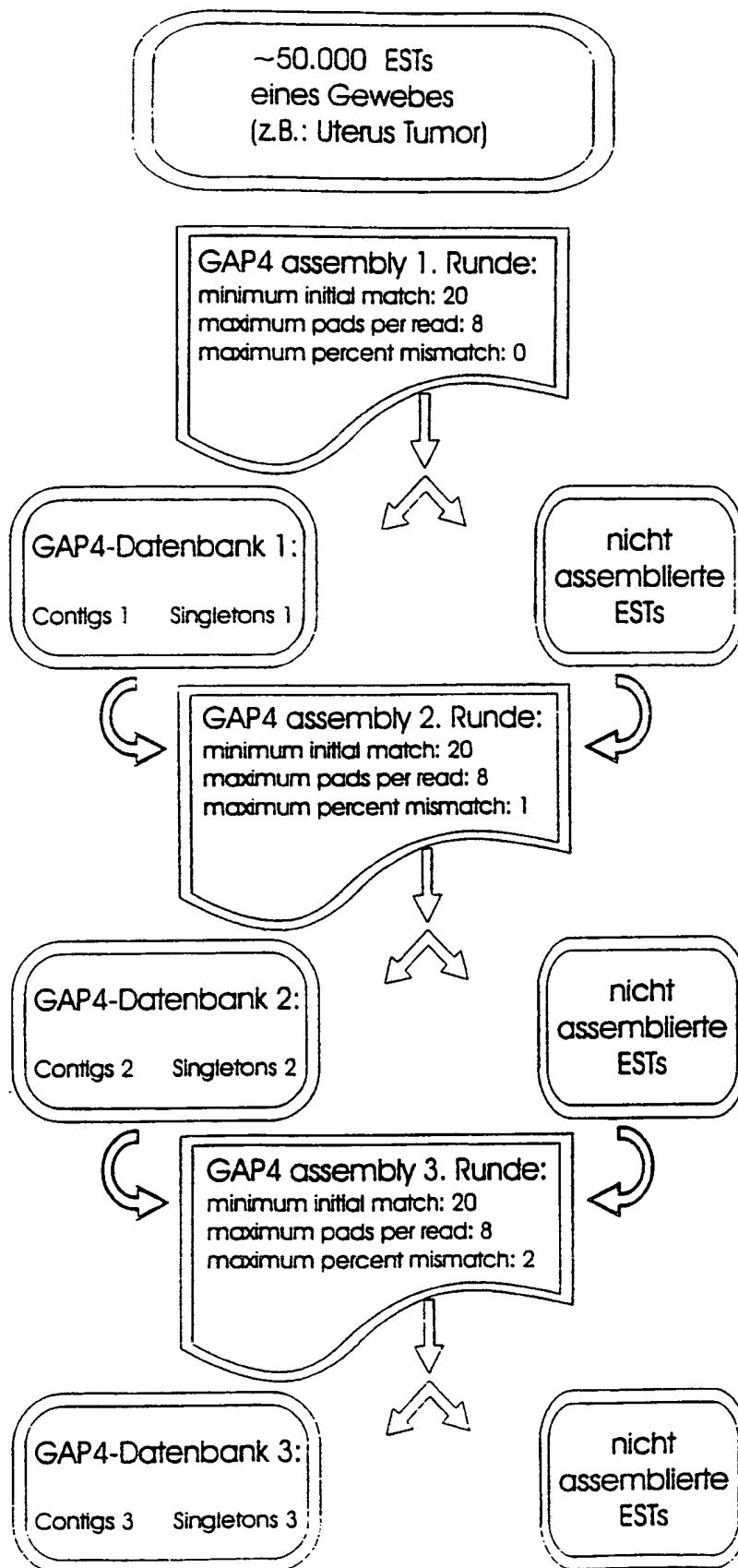


Fig. 2b1

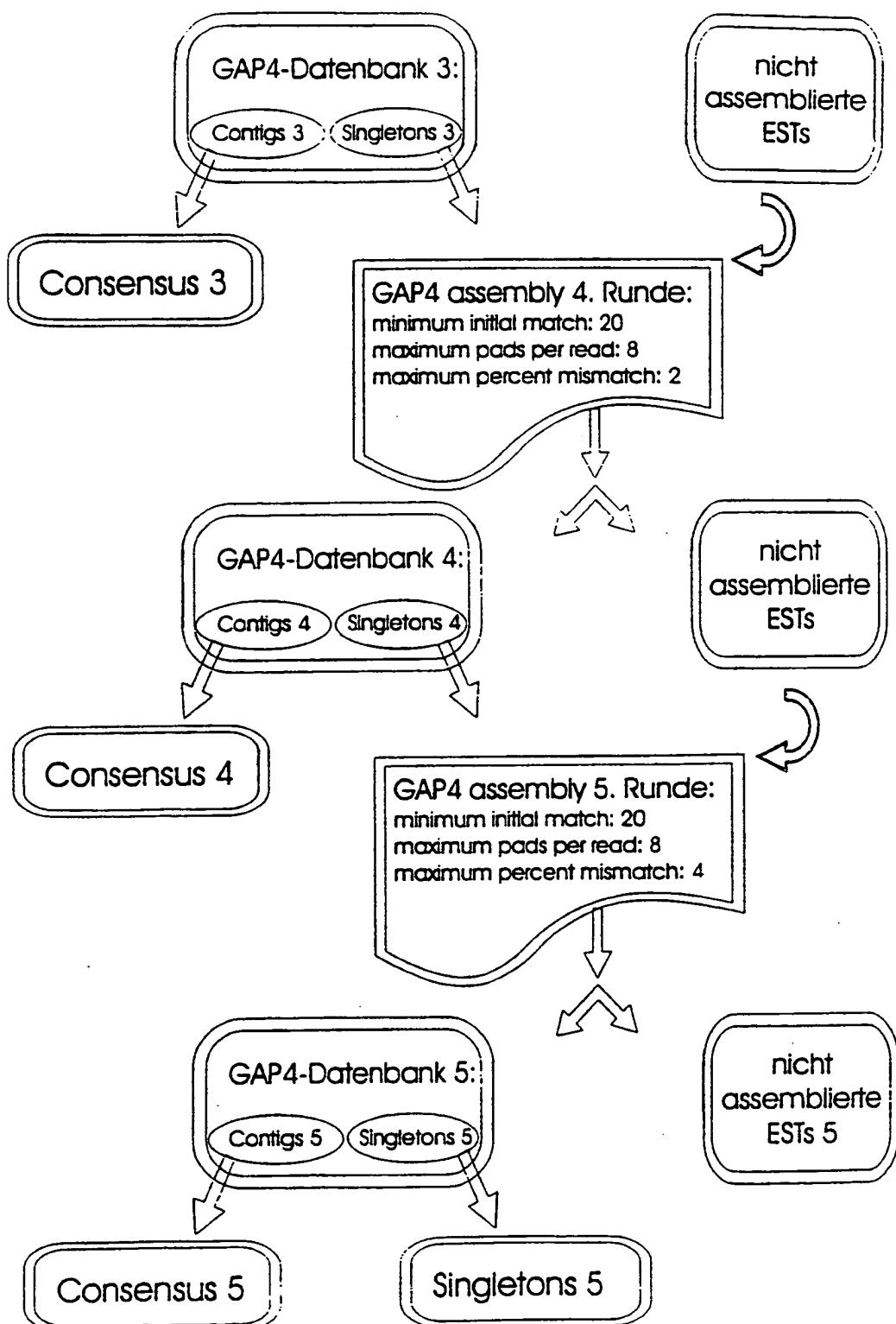


Fig. 2b2

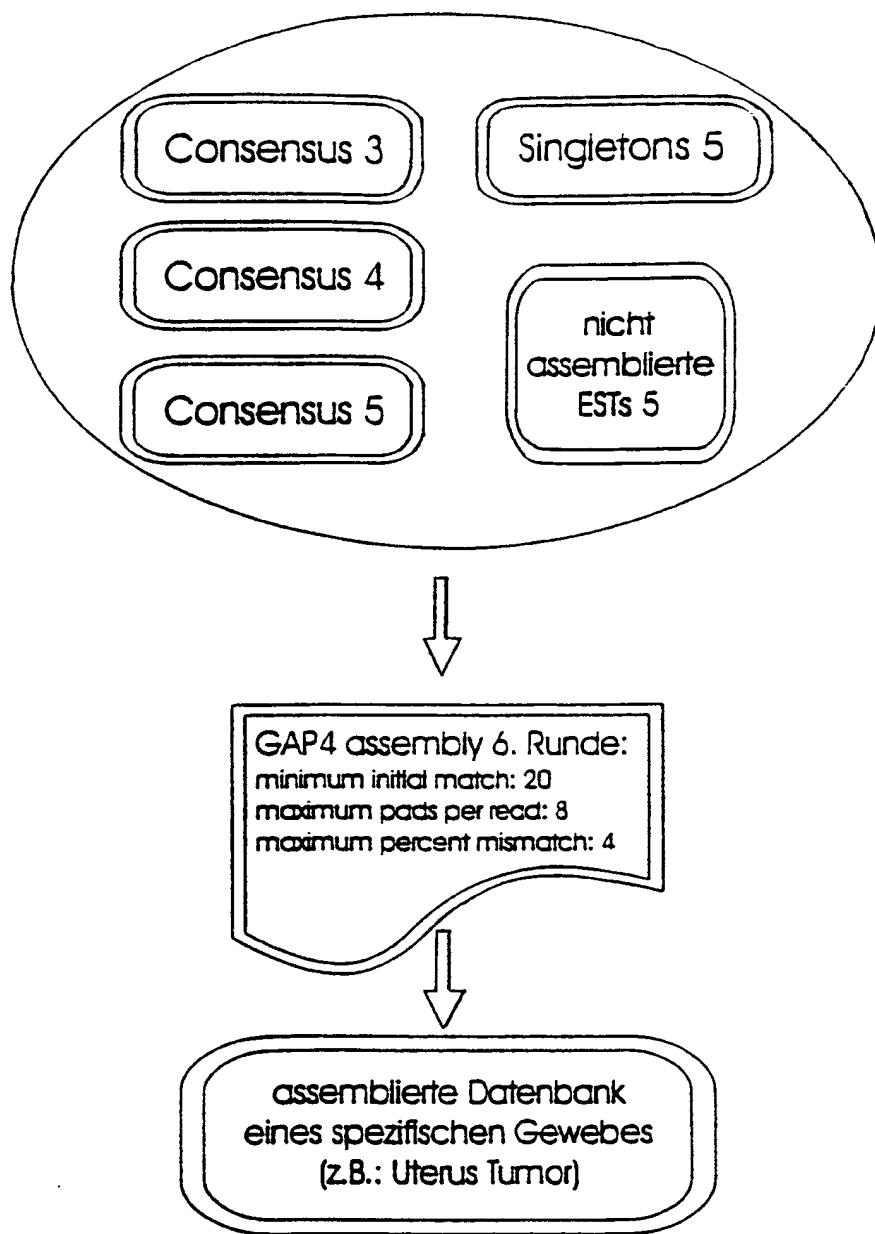


Fig. 2b3

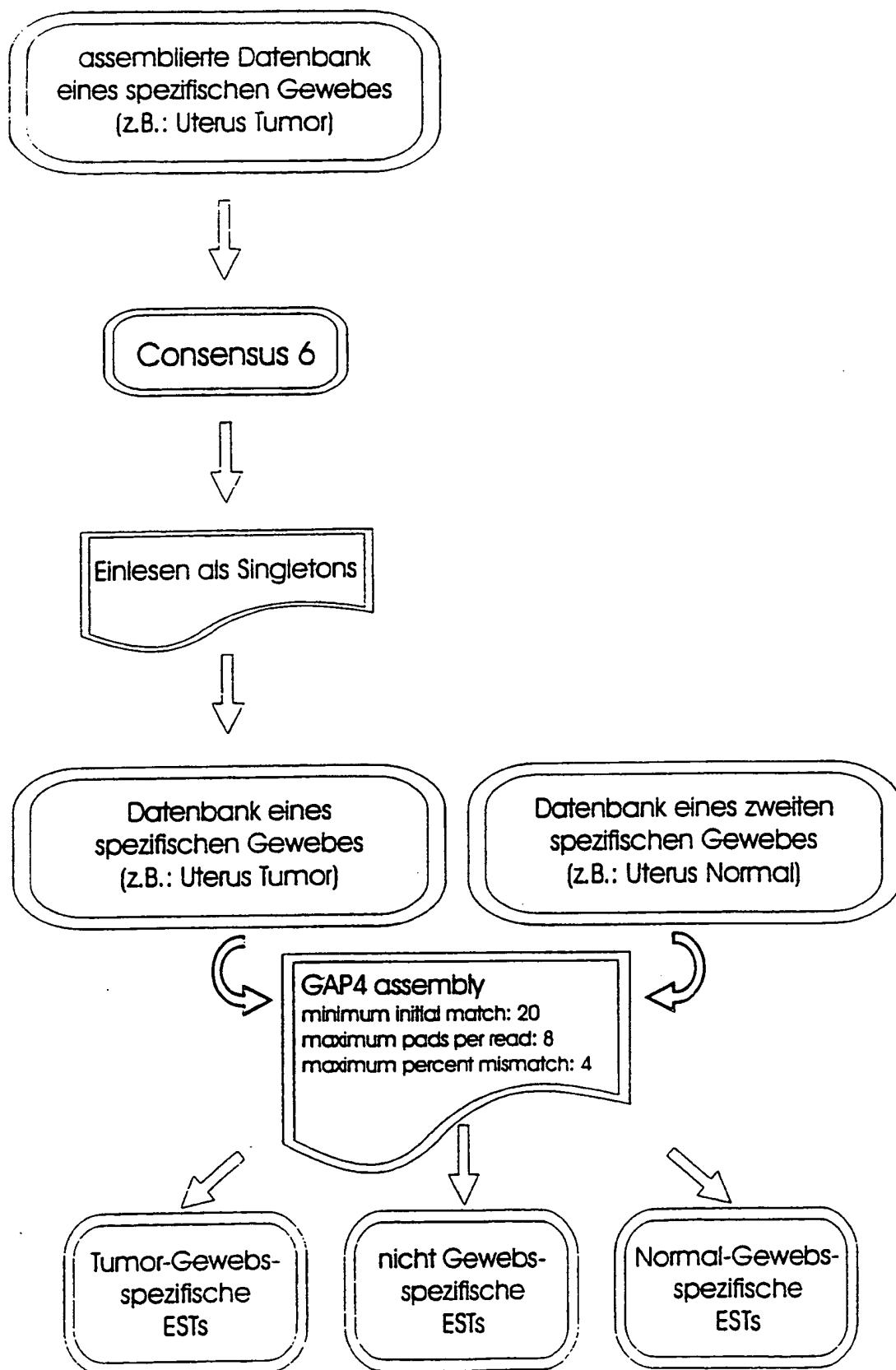


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

**~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe**

**~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe**

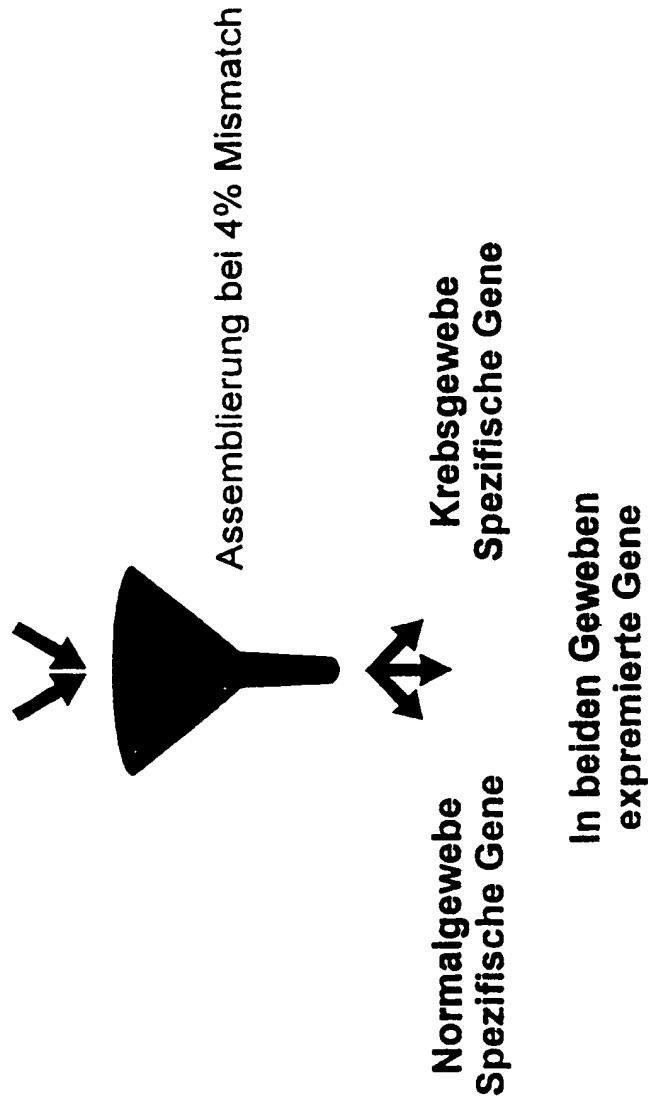


Fig. 3

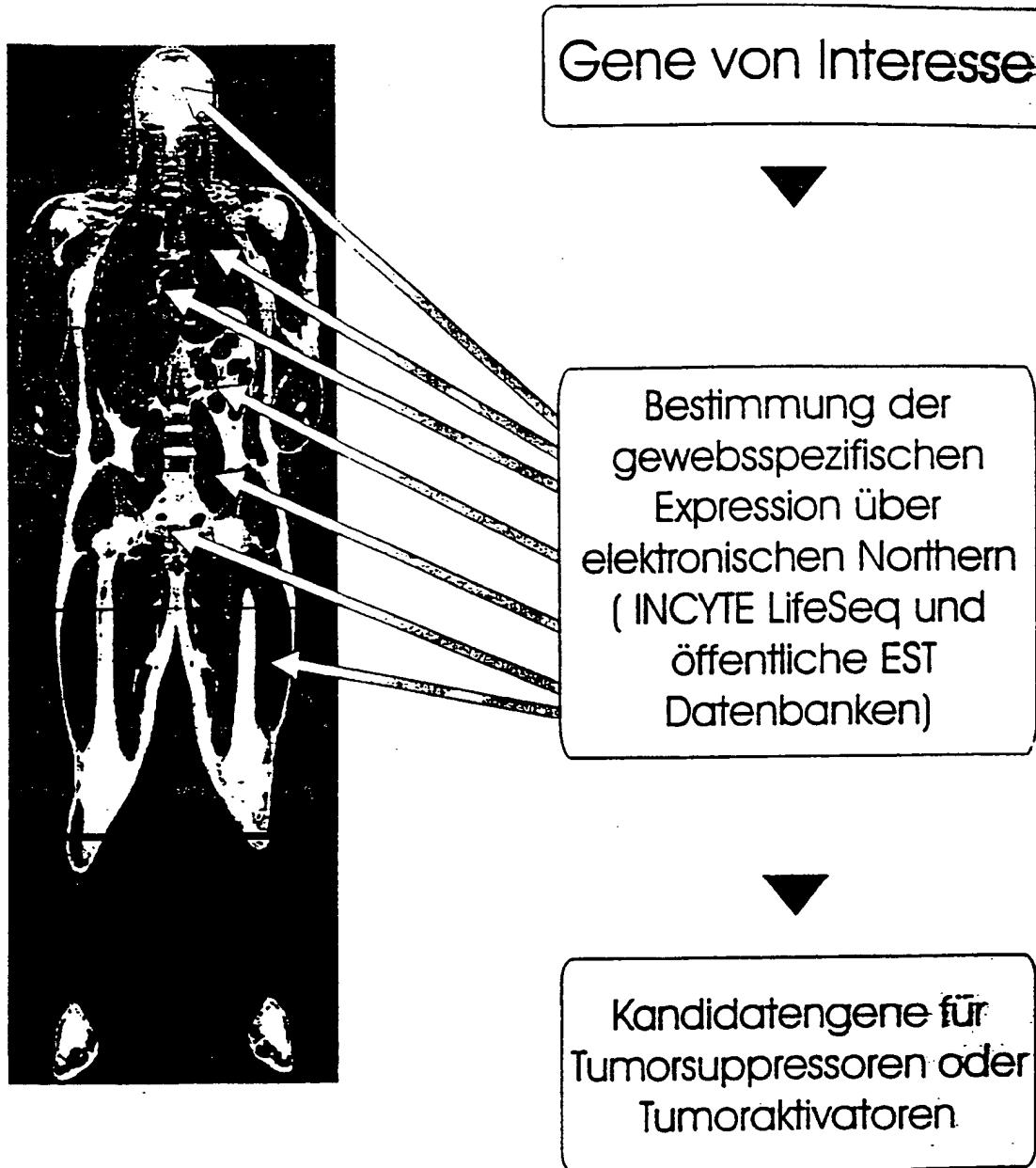


Fig. 4a

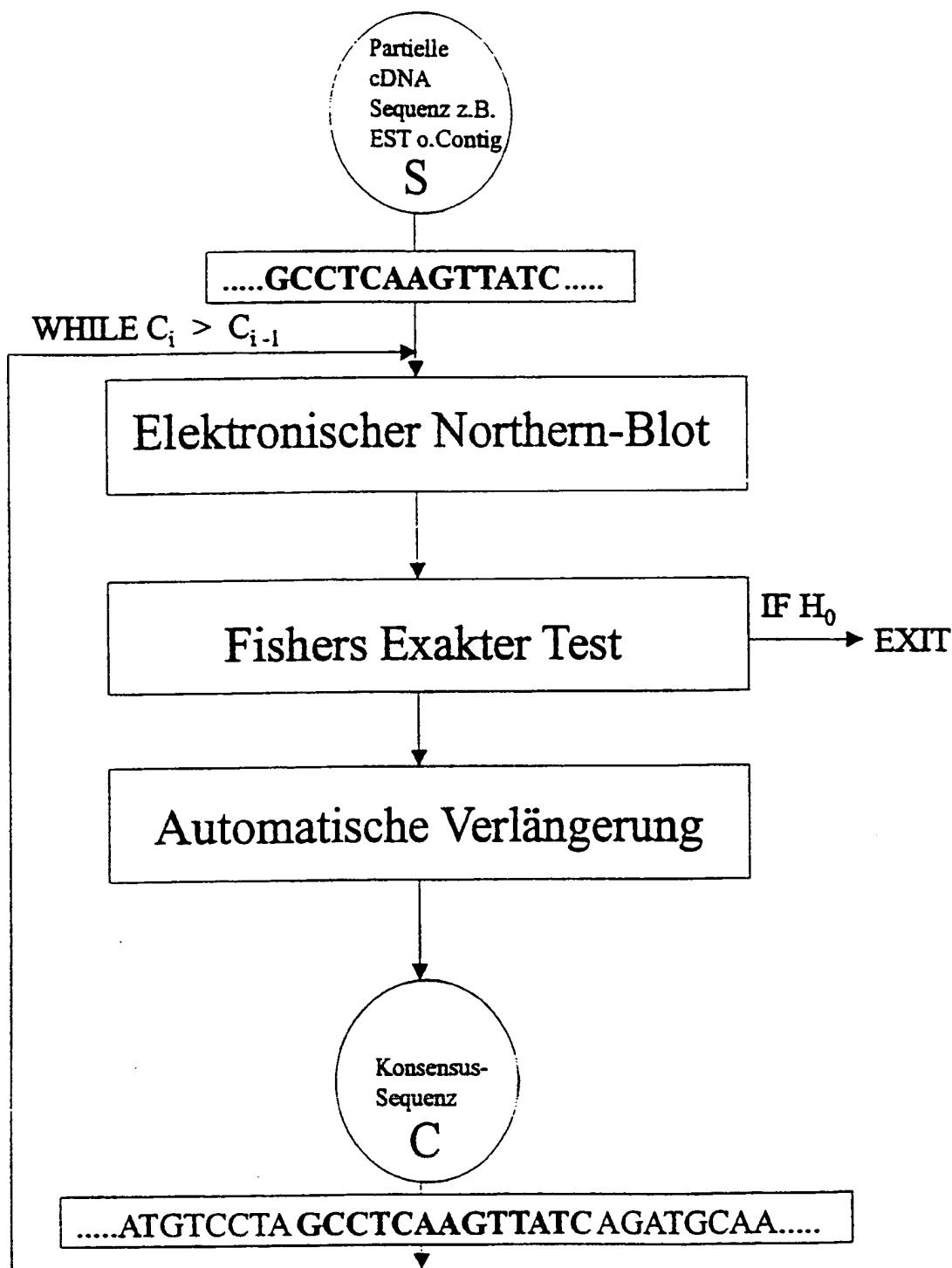


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

THIS PAGE BLANK (USPTO)